

ÉCOLE DE TECHNOLOGIE SUPÉRIEURE  
UNIVERSITÉ DU QUÉBEC

MÉMOIRE PRÉSENTÉ À  
L'ÉCOLE DE TECHNOLOGIE SUPÉRIEURE

COMME EXIGENCE PARTIELLE  
À L'OBTENTION DE LA  
MAÎTRISE EN GÉNIE  
TECHNOLOGIE DE L'INFORMATION  
M.Eng.

PAR  
Julien COUET

RECALAGE RIGIDE 3D-2D PAR INTENSITÉ POUR LE TRAITEMENT PERCUTANÉ  
DES CARDIOPATHIES CONGÉNITALES

MONTREAL, LE 17 FÉVRIER 2012

© Tous droits réservés, Julien COUET, 2012

© Tous droits réservés

Cette licence signifie qu'il est interdit de reproduire, d'enregistrer ou de diffuser, en tout ou en partie, le présent document. Le lecteur qui désire imprimer ou conserver sur un autre média une partie importante de ce document doit obligatoirement en demander l'autorisation à l'auteur.

**PRÉSENTATION DU JURY**

**CE MÉMOIRE A ÉTÉ ÉVALUÉ**

**PAR UN JURY COMPOSÉ DE**

M. Luc Duong, directeur de mémoire  
Département de génie logiciel et des TI à l'École de technologie supérieure

M. Richard Lepage, président du jury  
Département de génie de la production automatisée à l'École de technologie supérieure

M. Eric Paquette, membre du jury  
Département de génie logiciel et des TI à l'École de technologie supérieure

**IL A FAIT L'OBJET D'UNE SOUTENANCE DEVANT JURY ET PUBLIC**

**LE 20 JANVIER 2012**

**À L'ÉCOLE DE TECHNOLOGIE SUPÉRIEURE**





## **AVANT-PROPOS**

L'étude présentée dans ce mémoire a été menée en collaboration avec le Centre Hospitalier Universitaire Sainte-Justine de Montréal, un centre à vocation pédiatrique. Elle s'inscrit dans le projet clinique mené par les départements de cardiologie et de radiologues du CHU Sainte-Justine du traitement de jeunes patients atteints de cardiopathies congénitales cyanogènes. Ce sont des malformations cardiaques complexes qui, dans leurs formes les plus sévères, peuvent également s'étendre au système vasculaire pulmonaire de l'enfant.

L'apport principal de ce travail est la proposition, pour la première fois dans le cas de maladies cardiaques infantiles, d'une nouvelle technique d'imagerie médicale en mesure de faciliter et de rendre plus sécuritaires les interventions percutanées menées pour corriger de ce type de malformations. Néanmoins, le travail présenté dans ce document reste préliminaire et n'est pas validé dans un contexte clinique réel.



## REMERCIEMENTS

Je tiens tout d'abord à remercier mon directeur de recherche, Prof. Luc Duong pour son accueil, sa confiance, ses conseils, sa disponibilité sans faille, mais surtout pour tout son savoir qu'il m'a transmis avec tant de générosité. En plus de m'avoir montré la voie du chercheur, l'ouverture d'esprit de Luc m'a fait découvrir, au travers des sciences, la culture Québécoise et pour cela, je lui en suis très reconnaissant.

Je tiens également à remercier les Drs. Chantal Lapierre et Joaquim Miró du Centre Hospitalier Universitaire Sainte-Justine pour leur passion si contagieuse, leur disponibilité et leur remarquable travail qui a mené à cette collaboration si enrichissante.

Je remercie aussi tous(toutes) les ami(e)s du Laboratoire : la "capitaine du Lab" Faten M'Hiri future chercheuse de renom, Jonathan Hadida mon acolyte des soirées Jazz, David Rivest-Hénault mon maître Jedi (après mon directeur évidemment), Jean Philippe Morin mon collègue de Californie ainsi que Mathieu Plourde. Aussi, un grand merci à M. Alain Lemay, analyste de génie grâce auquel tout est prêt avant même d'y penser.

Je remercie tous mes ami(e)s, qu'ils soient proche ou loin, pour être restés durant ces deux ans auprès de moi. Merci Kevin, Yanive, Laurent, Agathe, Amel, Camille, Erick, Valentin, Martial, Benoit, Tanguy et Philippe.

Merci Nadège et Paul-Augustin, pour vos conseils qui m'aident tant. Aussi, j'ai une pensée toute particulière pour mes parents et mes grands-parents, sans qui je n'aurais jamais pu arriver là où je suis aujourd'hui.

Enfin, je dédis mes derniers remerciements aux deux personnes qui me sont les plus chères, mon frère Guillaume, pour son soutien sans faille et ma petite amie Geneviève, pour faire de moi, jour après jour, la personne que je suis.



# **RECALAGE RIGIDE 3D-2D PAR INTENSITÉ POUR LE TRAITEMENT PERCUTANÉ DES CARDIOPATHIES CONGÉNITALES**

Julien COUET

## **RÉSUMÉ**

Les cardiopathies congénitales cyanogènes sont des malformations cardiaques infantiles qui, dans leurs formes les plus complexes, sont aggravées par des artères morbides partant de l'aorte et appelées collatérales aorto-pulmonaires majeures (MAPCAs). Pour corriger ces malformations, les cardiologues insèrent un cathéter dans une artère du patient puis, le guident jusqu'à atteindre la structure vasculaire d'intérêt. Le cathéter est visualisé grâce à des angiographies acquises lors de l'opération. Néanmoins, ces interventions, dites percutanées, sont délicates à réaliser. L'emploi des angiographies 2D limite le champ de vision des cardiologues et les oblige à mentalement reconstruire la structure vasculaire en mouvement. Afin d'améliorer les conditions d'intervention, des techniques d'imagerie médicale exploitant des données tomographiques acquises avant l'intervention sont développées. Les données tomographiques forment un modèle 3D fiable de la structure vasculaire qui, une fois précisément aligné avec les angiographies, définit un outil de navigation virtuel 3D qui augmente le champ de vision des cardiologues. Dans ce mémoire, une nouvelle méthode automatique de recalage rigide 3D-2D par intensité de données tomographiques 3D avec des angiographies 2D est présentée. Aussi, une technique d'alignement semi-automatique permettant d'accélérer l'initialisation de la méthode automatique est développée. Les résultats de la méthode de recalage proposée, obtenus avec deux jeux de données de patient atteints de malformations cardiaques, sont prometteurs. Un alignement précis et robuste des données tomographique de l'artère aorte et des MAPCAs ( $0,265 \pm 0,647\text{mm}$  et 99 % de succès) à partir d'un déplacement rigide d'amplitude maximale (20mm et  $20^\circ$ ) est obtenu en un temps de calcul raisonnable (13,7 secondes).

**Mot-clés:** Recalage 3D-2D par intensité, Interventions percutanées, Procédures cardiaques



# INTENSITY-BASED RIGID 3D-2D REGISTRATION FOR PERCUTANEOUS INTERVENTION OF CONGENITAL HEART DECEASES

Julien COUET

## ABSTRACT

Percutaneous cardiac interventions rely mainly on the experience of the cardiologist to safely navigate inside soft tissues vessels under x-ray angiography guidance. Additional navigation guidance tool might contribute to improve reliability and safety of percutaneous procedures. The pathology involved are cyanogen congenital heart deceases. They are pediatric cardiac malformations which can be worsen by the presence of major aorta-pulmonary collateral arteries (MAPCAs) in their most complex form. The main contribution of this work is a fully automatic intensity-based 3D-2D registration method, which accurately maps a preoperative CT acquisition of a pediatric patient over x-ray angiography to provide such navigation guidance. The second contribution of this study is a semi-automatic features-based registration method which speeds up the initialization of the automatic technique. Our preliminary results are promising for an accurate and robust registration of both the aorta and MAPCAs ( $0.265 \pm 0.647\text{mm}$  with 99 % success rate) from a initial displacement up to 20mm and  $20^\circ$  that can be obtained within a reasonable amount of time (13.7 seconds). Furthermore, our technique is able to compensate for a simulated respiratory motion of the vascular structure.

**Keywords:** Intensity-based 3D-2D registration, Percutaneous interventions, Cardiac procedures





## TABLE DES MATIÈRES

	Page
INTRODUCTION .....	3
CHAPITRE 1 REVUE DES CONNAISSANCES ET ÉTAT DE L'ART .....	9
1.1 Description des cardiopathies congénitales cyanogènes .....	9
1.1.1 Anatomie et physiologie du système cardio-respiratoire humain .....	9
1.1.2 Cardiopathies congénitales cyanogènes et MAPCAs .....	11
1.2 Introduction au recalage rigide 3D-2D .....	14
1.2.1 Recalage d'images médicales .....	15
1.2.2 Définition du recalage 3D-2D par intensité .....	19
1.3 Éléments du recalage par intensité .....	22
1.3.1 Simulation des angiographies synthétiques .....	22
1.3.2 Mesure de la similarité de deux images .....	24
1.3.3 Optimisation de l'alignements des données CT .....	27
1.3.4 Initialisation du recalage par intensité .....	29
1.4 Sommaire de la revue des connaissances .....	30
CHAPITRE 2 MÉTHODOLOGIE .....	35
2.1 Géométrie d'un système d'acquisition radiographique .....	37
2.2 Initialisation du recalage par intensité .....	39
2.2.1 Recalage semi-automatique par contraintes projectives .....	40
2.2.1.1 Définition du système d'équations coniques .....	40
2.2.1.2 Résolution du système d'équations .....	42
2.2.2 Alignement des données tomographiques .....	44
2.2.2.1 Calcul de la transformation 3D .....	44
2.2.2.2 Nécessité d'une seconde vue .....	45
2.3 Recalage rigide 3D-2D par intensité des données tomographiques .....	46
2.3.1 Simulation des angiographies synthétiques .....	47
2.3.1.1 Théorie de l'acquisition radiographique .....	47
2.3.1.2 Simulation des angiographies par projection de voxels .....	49
2.3.2 Mesure de la similarité entre deux angiographies .....	53
2.3.2.1 Mesure basée sur l'information spatiale .....	54
2.3.2.2 Mesures issues de la théorie de l'information .....	54
2.3.3 Optimisation de l'alignement des données CT .....	55
2.3.3.1 Paramétrage de la transformation rigide .....	56
2.3.3.2 Optimisation des paramètres de transformation .....	58
2.4 Validation de la méthode de recalage .....	61
2.4.1 Présentation des paramètres de la validation .....	61
2.4.1.1 Caractéristiques des données à recaler .....	62

2.4.1.2	Définition des métriques de la validation .....	62
2.4.2	Présentation des plans d'expérience.....	65
2.4.2.1	Alignement initial des données tomographiques.....	65
2.4.2.2	Qualité des angiographies simulées .....	67
2.4.2.3	Recalage par intensité des données tomographiques .....	67
2.4.2.4	Compensation du mouvement respiratoire .....	69
CHAPITRE 3	RÉSULTATS ET DISCUSSION .....	73
3.1	Alignement initial des données tomographiques .....	73
3.2	Qualité des angiographies simulées.....	78
3.3	Recalage par intensité des données tomographiques.....	80
3.3.1	Robustesse des mesures de similarité au bruit .....	80
3.3.2	Recalage des données tomographiques .....	84
3.4	Compensation du mouvement respiratoire .....	92
CONCLUSION	.....	95
ANNEXE I	CALCUL DE L'ENTROPIE ET DE L'ENTROPIE JOINTE .....	99
ANNEXE II	THÉORIE DES CONTRAINTES PROJECTIVES .....	101
ANNEXE III	DÉTAILS DES RÉSULTATS DU RECALAGE PAR INTENSITÉ.....	107
ANNEXE IV	PUBLICATION .....	117
BIBLIOGRAPHIE	.....	126

## LISTE DES TABLEAUX

	Page
Tableau 1.1	Aperçu des algorithmes d'optimisation et des mesures de similarité employés pour le recalage 3D-2D rigide par intensité ..... 34
Tableau 2.1	Résumé des paramètres et des mesures des tests de recalage par contraintes projectives ..... 67
Tableau 2.2	Résumé des paramètres et des mesures des tests de recalage par intensité . 69



## LISTE DES FIGURES

	Page
Figure 1.1	Malformations intra-cardiaques : la tétralogie de Fallot tirée de <a href="http://en.wikipedia.org/wiki/File:Tetralogy_of_Fallot.svg">http://en.wikipedia.org/wiki/File:Tetralogy_of_Fallot.svg</a> , libre de droit .... 10
Figure 1.2	Exemples de malformations extra-cardiaques : angiographies de MAPCAs provenant du CHU Sainte-Justine ..... 12
Figure 1.3	Comparaison des deux principales familles des méthodes de recalage 3D-2D de données médicales synthétiques ..... 18
Figure 1.4	Schéma du recalage automatique 3D-2D par intensité ..... 21
Figure 2.1	Géométrie d'un système d'acquisition radiographique C-Arm biplan ..... 38
Figure 2.2	Étapes du recalage semi-automatique par contraintes projectives ..... 41
Figure 2.3	Comparaison du filtre gaussien et du filtre COT de Cosman (2000) pour générer les DRRs ..... 50
Figure 2.4	Estimation des épaisseurs des voxels projetés pour la création de DRRs .... 52
Figure 2.5	Comparaison 2D des schémas de recherche du <i>Hill Climbing</i> (points bleus) et du <i>Dense Hill Climbing</i> (points bleus et rouges) ..... 59
Figure 2.6	Arbre aorto-coronarien synthétique Tirée de Liao <i>et al.</i> (2010) (p. 740), reproduit avec autorisation ..... 63
Figure 2.7	Les données tomographiques avec les lignes centrales associées ..... 63
Figure 2.8	Simulation du recalage rigide par intensité ..... 68
Figure 3.1	Contraintes projectives : erreurs <i>TRE</i> en fonction des erreurs de correspondance 3D-2D avec amplitude maximale des transformations 30mm et 30° ..... 76
Figure 3.2	Contraintes projectives : erreurs <i>TRE</i> en fonction des erreurs de correspondance 3D-2D avec amplitude maximale des transformations 50mm et 50° ..... 76

Figure 3.3	Contraintes projectives : erreurs $TRE$ en fonction des erreurs de correspondance 3D-2D avec amplitude maximale des transformations 70mm et 70° .....	77
Figure 3.4	Contraintes projectives : erreurs $TRE$ en fonction des erreurs de correspondance 3D-2D avec amplitude maximale des transformations 90mm et 90° .....	77
Figure 3.5	Simulation d'angiographies : comparaison avec les images des techniques de tracé de rayon de Jacobs <i>et al.</i> (1998) et de projection de voxels proposée .....	79
Figure 3.6	Simulation d'angiographies : comparaison avec les histogrammes des techniques de tracé de rayon de Jacobs <i>et al.</i> (1998) et de projection de voxels proposée .....	79
Figure 3.7	Mesures de similarité : comparaison des mesures de similarité NMI et ECC avec le Fantôme .....	82
Figure 3.8	Mesures de similarité : comparaison des mesures de similarité NMI et NGD avec le Fantôme .....	82
Figure 3.9	Mesures de similarité : comparaison des mesures de similarité NMI et ECC avec les MAPCAs-2 .....	83
Figure 3.10	Mesures de similarité : comparaison des mesures de similarité NMI et NGD avec les MAPCAs-2 .....	83
Figure 3.11	Recalage par intensité : nombre d'alignements marginaux en fonction de l'amplitude maximales des transformations pour la mesure $NMI$ (à gauche) et le $NGD$ (à droite) avec le fantôme .....	87
Figure 3.12	Recalage par intensité : $TRE_{2D}$ pour des transformations d'amplitude maximale 30 avec le fantôme .....	89
Figure 3.13	Recalage par intensité : $TRE_{3D}$ pour des transformations d'amplitude maximale 30 avec le fantôme .....	89
Figure 3.14	Recalage par intensité : $TRE_{2D}$ pour des transformations d'amplitude maximale 20 avec les MAPCAs-1 .....	90
Figure 3.15	Recalage par intensité : $TRE_{3D}$ pour des transformations d'amplitude maximale 20 avec les MAPCAs-1 .....	90
Figure 3.16	Recalage par intensité : $TRE_{2D}$ pour des transformations d'amplitude maximale 20 avec les MAPCAs-2 .....	91

Figure 3.17	Recalage par intensité : $TRE_{3D}$ pour des transformations d'amplitude maximale 20 avec les MAPCAs-2 .....	91
Figure 3.18	Compensation du mouvement respiratoire : première période = 0,83s avec les MAPCAs-2 .....	93
Figure 3.19	Compensation du mouvement respiratoire : seconde période = 1,67s avec les MAPCAs-2 .....	93





## LISTE DES ABRÉVIATIONS, SIGLES ET ACRONYMES

C-Arm	Système d'acquisition radiographique 2D
CHU	Centre Hospitalier Universitaire
COT	<i>Convolution of Triangles</i> : Convolution de triangles
CT	<i>Computed Tomography</i> : Tomographie axiale calculée
DICOM	<i>Digital Imaging and Communications in Medicine</i>
DRRs	<i>Digital Reconstruct Radiographs</i> : Angiographies synthétiques
ECC	<i>Entropy Correlation Coefficient</i> : Coefficient de corrélation entropique
GD et NGD	<i>Gradient Difference</i> et <i>Normalized Gradient Difference</i> : Différence des gradients et différence des gradients normalisée
HC et DHC	<i>Hill Climbing</i> et <i>Dense Hill Climbing</i>
IOD	<i>Intensifier to Origin Distance</i> : Distance entre l'intensificateur et l'origine du C-Arm
IRM	Imagerie par Résonance Magnétique
L-BFGS	<i>Limited memory Broyden-Fletcher-Goldfarb-Shanno</i>
MAPCAs	<i>Major Aorto-Pulmonary Collateral Arteries</i> : Artères aorto-pulmonaires collatérales majeures
NMI	<i>Normalized Mutual Information</i> : Information mutuelle normalisée
PA-VSD	<i>Pulmonary Atresia with Ventricular Septal Defect</i> : Atrésie pulmonaire à septum ouvert
SID	<i>Source to Intensifier Distance</i> : Distance entre la source et l'intensificateur du C-Arm
SOD	<i>Source to Origin Distance</i> : Distance entre la source et l'origine du C-Arm
TEP	Tomographie par Emission de Positons
TOF	<i>Tetralogy Of Fallot</i> : Tétralogie de Fallot

TR et IH	Translation-Rotation et Intra-Hors plan
TRE	<i>Target to Registration Error</i> : Erreur de recalage

## INTRODUCTION

Les maladies cardiovasculaires, ou cardiopathies, représentent la première cause de mortalité dans le monde. D'après les études de l'organisation mondiale de la santé, elles tuent plus de personnes que toute autre cause<sup>1</sup>. Ces troubles affectant le coeur et le système circulatoire sanguin se distinguent en deux groupes. Le premier, concernant plutôt les adultes, comprend les maladies coronariennes et cérébro-vasculaires principalement provoquées par une mauvaise hygiène de vie et des facteurs environnementaux. Le second regroupe les cardiopathies dites congénitales. Ce sont des malformations du coeur et du système vasculaire cardio-pulmonaire qui surviennent lors du développement intra-utérin de l'enfant. D'après une étude menée par Tegnander *et al.* (2006), ces pathologies sont les plus fréquentes chez les nouveau-nés et touchent 1,4 % d'entre-eux. Dans leurs formes les plus complexes, celles-ci peuvent être aggravées par la présence d'artères morbides appelées collatérales aorto-pulmonaires majeures (MAPCAs) reliant de façon indésirable l'artère aorte au système vasculaire pulmonaire (Schulze-Neick *et al.* (2000)).

Bien que les cardiopathies congénitales soient connues depuis le XVII<sup>e</sup> siècle, Metras *et al.* (2001) et Evans (2008) indiquent que les soigner demeure délicat pour deux raisons. D'une part, les MAPCAs sont des structures complexes dont la topologie est très variable et donc difficile à prédire. D'autre part, des interventions à coeur ouvert ne peuvent être menées avec des patients enfants ou nouveau-nés. À la place, une nouvelle stratégie opératoire minimalement invasive dite percutanée est employée. Comme le présente Bokenkamp *et al.* (2005), elle permet d'atteindre les organes d'intérêt sans avoir à effectuer une grande incision dans le thorax du patient. Pour visualiser les structures vasculaires infantiles et y naviguer les cathéters, les cardiologues s'appuient sur des angiographies 2D acquises durant l'intervention. Via une petite incision dans une artère, en général l'artère fémorale, des cathéters y sont insérés puis guidés au travers du corps jusqu'aux organes cardio-vasculaires voulus. Carotti *et al.* (1998), de Mahle *et al.* (2003), de Bokenkamp *et al.* (2005) et de Maeda *et al.* (2006) indiquent que cette stratégie est particulièrement pertinente et adaptée aux enfants qui sont fragiles et pré-

---

1. <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs317/fr/index.html>

sentent plus de risques que les adultes de développer des complications post-opératoires. De plus, Schulze-Neick *et al.* (2000) spécifie que le temps de récupération après l'intervention est plus court. Néanmoins, cette technique comporte deux inconvénients majeurs. D'une part, Zollei (2001) relève qu'elle restreint le champ de vision des cardiologues puisque seules des images 2D permettent de visualiser les organes à opérer qui, de plus, sont de très petite taille. Les études de Schulze-Neick *et al.* (2000) et de Griselli *et al.* (2004) indiquent que le diamètre de l'aorte et des MAPCAs est de l'ordre de quelque millimètres. D'autre part, elle demande aux cardiologues des ressources cognitives importantes car ils doivent, à l'aide d'angiographies 2D seulement, reconstruire mentalement les structures vasculaires infantiles 3D et les cathéters qui s'y trouvent. Cette tâche est d'autant plus complexe que les structures vasculaires sont en mouvement à causes des battements cardiaques et de la respiration du patient. Ainsi, en plus de devoir se représenter l'anatomie des organes qu'ils opèrent, les cardiologues doivent en permanence estimer et compenser mentalement le mouvement cardiorespiratoire.

Pour améliorer la navigation et la rendre plus fiable, celle-ci peut être complétée par un système de réalité augmentée 3D permettant de superposer, sur les angiographies, l'information de profondeur manquante aux radiologues. Avant l'intervention, des données tomographiques sont acquises pour générer un modèle 3D fidèle aux structures vasculaires d'intérêt. Ce modèle pré-opératoire, s'il est correctement placé dans la géométrie de l'acquisition radiographique et aligné avec les angiographies intra-opératoires, forme alors une carte 3D dynamique permettant de naviguer avec plus de facilité les cathéters. Pour qu'un tel système de réalité augmentée soit performant, il doit dans l'absolu être en mesure de compenser, en temps réel, les déplacements et les déformations de la structures vasculaire causés par la respiration et les battements cardiaques. Comme le souligne Markelj *et al.* (2010), en plus d'élargir le champ visuel des cardiologues, un système de réalité augmentée peut permettre de rendre les interventions percutanées plus sécuritaires car, en se fiant au modèle 3D, les cardiologues peuvent apprécier la distance entre les cathéters et les parois des structures vasculaires.

De telles techniques d'alignement ont été développées et apportent d'ores et déjà une solution pour significativement améliorer les interventions percutanées d'un grand nombre de patholo-

gies. En général, ces méthodes ne comparent pas directement les données tomographiques 3D pré-opératoires et les angiographies 2D intra-opératoires, celles-ci étant de dimensions différentes. À la place, elles exploitent le fait que la tomographie axiale et la radiographie dérivent tous deux du principe physique de l'atténuation d'un rayon X au travers les tissus humains. Les deux systèmes d'acquisition étant de même nature, il est possible et cohérent de simuler le procédé d'acquisition radiographique en projetant les données tomographiques 3D pour créer des angiographies synthétiques. Grâce à cet intermédiaire 2D, la pose courante des données tomographiques 3D dans le repère du système d'acquisition radiographique peut être validée en comparant les angiographies simulées avec celles réelles. Si les images sont identiques, alors les données tomographiques sont alignées. Cependant, les méthodes développées sont plus particulièrement adaptées aux tissus osseux de patients adultes et non aux systèmes vasculaires d'enfants ou de nouveau-nés. Ceci est dû à trois faits principaux :

- (1) Les tissus cardio-vasculaires, à la différence des tissus osseux ou cérébraux, se déforment beaucoup à cause des mouvements cardiorespiratoires qui s'ajoutent à ceux du patient. Alors que le mouvement respiratoire est rigide, *i.e.* il se compose de translations et de rotations, la contraction et la relaxation cardiaque déforment de manière élastique les structures vasculaires. La modélisation de ces transformations est complexe car elle demande d'avoir une connaissance a priori de celles-ci, leur estimation l'est encore plus.
- (2) À la différence des os, les tissus cardio-vasculaires n'absorbent pas les rayons X. Lors de l'acquisition des données tomographiques et des angiographies, il est nécessaire d'injecter un agent de contraste pour les rendre visibles dans les données. Or, cet agent, entraîné par la circulation sanguine, se diffuse progressivement dans le système vasculaire jusqu'à disparaître. Ainsi, les données tomographiques 3D, comme les angiographies, peuvent ne représenter que partiellement les structures d'intérêt. Ce phénomène de diffusion est critique pour le recalage car il est possible que les structures présentes dans les données à aligner ne correspondent pas.
- (3) Les patients sont des nouveau-nés. L'acquisition radiographique étant un procédé radiatif, il faut, en plus de limiter le nombre d'acquisitions, diminuer le plus possible la quantité de radiations et/ou le temps d'exposition. Ceci implique que la quantité d'agent

de contraste et l'énergie des sources radiographiques sont plus faibles et les données de qualité moindre que celles de patients adultes. De plus, le développement des organes des nouveau-nés n'étant pas achevé, leur forme varie beaucoup et chaque nouveau cas de cardiopathies congénitales nécessite un nouvel examen clinique approfondi.

L'objectif principal de ce projet est le développement d'une méthode de recalage permettant d'aligner les données tomographiques 3D et les angiographies 2D de structures cardiovasculaires infantiles et plus précisément de l'artère aorte et des MAPCAs. Comme il a été vu, les mouvements de ces tissus sont liés à ceux du patient et des poumons, classiquement définis comme rigides, et à ceux du coeur, quant à eux élastiques (Dagum *et al.* (1999) et Shechter *et al.* (2006)). Dans l'absolu, il est donc nécessaire d'estimer tous ces mouvements en temps réel pour que l'alignement soit pertinent d'un point de vue clinique. Cependant, Chen et Carroll (2003) précisent que déterminer les transformations non-rigides est difficile et demande toujours, au préalable, de précisément évaluer les transformations rigides. Ainsi, l'étude s'inscrit dans cette logique et porte en premier lieu sur l'initialisation précise et robuste de techniques de recalage plus complexes. Néanmoins, puisque la méthode de recalage développée doit estimer une transformation rigide, celle-ci serait peut être à même de compenser la composante rigide des mouvements respiratoires et cardiaques. Elle devra, le cas échéant, être totalement automatique et aligner les données dans un délai acceptable pour compenser des mouvements en temps réel. L'objectif principal comporte quatre étapes qui définissent les objectifs spécifiques de l'étude :

- (1) D'abord, il faut simuler des angiographies synthétiques à partir des données tomographiques pour pouvoir les comparer aux angiographies réelles.
- (2) Ensuite, les données doivent être mises en correspondance pour déterminer leur position relative. Il faut donc définir une mesure qui quantifie à quel point les angiographies synthétiques générées sont semblables à celles réelles.
- (3) Puis, pour retrouver automatiquement la vraie pose des données tomographiques dans le repère du système de projection radiographique à partir d'une position initiale quelconque, il faut mener la recherche grâce à une méthode qui se guide à l'aide de la valeur de la mesure de similarité entre les images.

- (4) Enfin, Wein (2003) indique que les techniques d'alignement automatiques doivent être initialisées proches de la solution recherchée pour fonctionner. En général, un opérateur déplace manuellement les données tomographiques, ce qui peut s'avérer à la fois laborieux et long en pratique. Une technique de recalage semi-automatique peut faciliter et accélérer cette étape.

Le mémoire présente quatre chapitres. Le premier complète d'abord les notions cliniques sur les cardiopathies congénitales et, par la suite, présente une revue des connaissances sur les méthodes actuelles de recalage entre des données tomographiques 3D et des angiographies 2D. Le second chapitre présente la méthode de recalage développée ainsi que le plan de validation adopté. Le troisième chapitre présente et discute les résultats. Enfin, le dernier chapitre conclut l'étude et propose des pistes quant aux travaux futurs envisagés pour compléter et améliorer le travail réalisé.





## **CHAPITRE 1**

### **REVUE DES CONNAISSANCES ET ÉTAT DE L'ART**

Ce chapitre introduit les notions de cardiologie et d'imagerie médicale abordées dans ce mémoire. D'abord, les propriétés des cardiopathies congénitales et les techniques actuelles d'intervention sont présentées pour situer le contexte clinique de l'étude. Ensuite, les méthodes d'alignement de données tomographiques pré-opératoires avec des angiographies intra-opératoires sont introduites. Enfin, un bilan de ces techniques est réalisé afin de déterminer les plus pertinentes pour notre étude.

#### **1.1 Description des cardiopathies congénitales cyanogènes**

Cette section présente les cardiopathies congénitales cyanogènes traitées dans ce mémoire. Ce sont des malformations qui touchent principalement le coeur mais qui peuvent également s'étendre au système vasculaire cardiopulmonaire. Comme son nom l'indique, ce système se compose des systèmes respiratoire et circulatoire dont les fonctions et les activités sont intimement liées.

##### **1.1.1 Anatomie et physiologie du système cardio-respiratoire humain**

Le système cardiorespiratoire humain, illustré par la figure 1.1, comprend principalement de trois organes : les deux poumons et le coeur, reliés entre eux par un réseau vasculaire distinct de celui du reste du corps.

- (1) Le cœur est un organe creux dont la paroi est un muscle, le myocarde. En se contractant, il agit comme une pompe et fait circuler le sang dans tout le corps. Il est composé de quatre cavités : les oreillettes et les ventricules gauche-droit, la paroi les séparant est appelée septum. Les veines caves inférieure et supérieure ramènent le sang désoxygéné au coeur via l'oreillette droite. Le sang passe ensuite dans le ventricule droit pour être envoyé au poumons via l'artère pulmonaire. Il revient alors des poumons à l'oreillette gauche par la veine pulmonaire et est ensuite distribué à tous les autres organes par l'artère aorte.

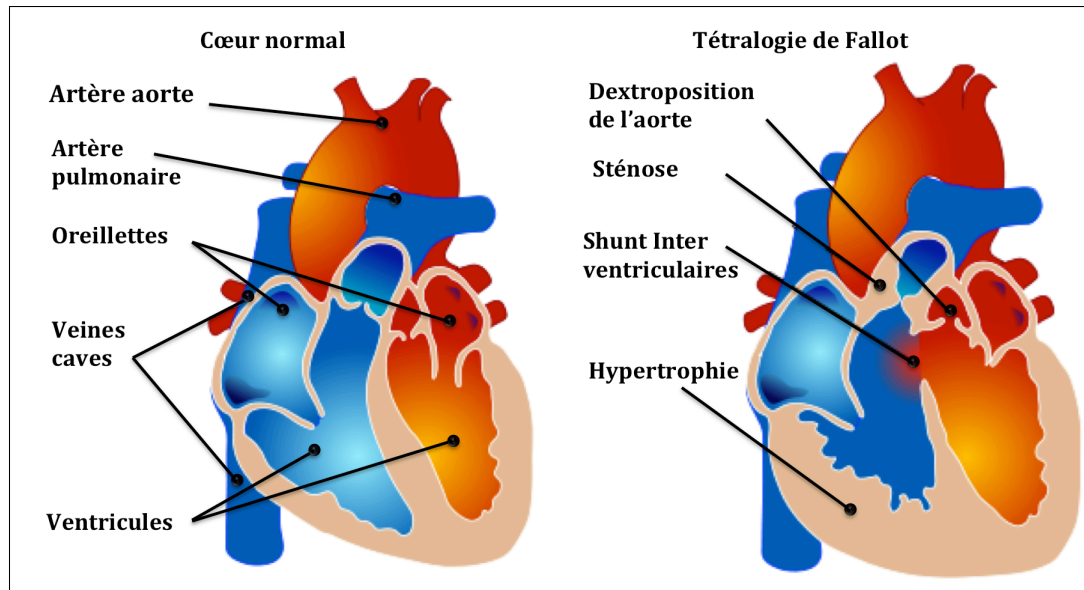


Figure 1.1 Malformations intra-cardiaques : la tétralogie de Fallot  
tirée de [http://en.wikipedia.org/wiki/File:Tetralogy\\_of\\_Fallot.svg](http://en.wikipedia.org/wiki/File:Tetralogy_of_Fallot.svg), libre de droit

- (2) Les poumons sont les organes responsables de la ventilation du corps et des échanges gazeux, principalement l'oxygène ( $O_2$ ) et le dioxygène ( $CO_2$ ), entre le corps et son environnement. Ils encadrent le coeur et y sont reliés par l'artère et la veine pulmonaire. Alors que la veine pulmonaire transporte le sang riche en  $O_2$  des poumons au coeur pour le distribuer aux organes du corps, l'artère pulmonaire joue un rôle opposé en amenant du coeur aux poumons le sang pauvre en  $O_2$  pour l'oxygéner.

L'oxygénation du sang et sa distribution aux organes sont donc réalisées par deux systèmes circulatoires distincts. Le premier, aussi appelé circulation systémique ou grande circulation, irrigue le corps entier avec le sang riche en  $CO_2$  alors que le second, nommé circulation pulmonaire ou petite circulation, assure l'oxygénation par les poumons du sang appauvri en  $O_2$ . De ce fait, la circulation sanguine est normalement unidirectionnelle pour que les deux circulations, systémique et pulmonaire, soient toujours séparées. Les malformations congénitales affectent précisément ce mécanisme en provoquant un mélange des circulations systémique et pulmonaire.

### 1.1.2 Cardiopathies congénitales cyanogènes et MAPCAs

La formation du coeur est un mécanisme complexe dans lequel des erreurs peuvent survenir à chaque étape de son développement. Si elles existent, ces malformations dites congénitales touchent 1 % des nouveau-nés (Kaguelidou (2006)). Elles ont deux origines principales :

- (1) Exogènes : Maladies de la mère pouvant être virales ou chroniques. La consommation de certains médicaments ou drogues peut également les provoquer.
- (2) Génétiques : Aberrations chromosomiques comme la trisomie, les affections génétiques, les cardiopathies familiales héréditaires ou les micro-délétions<sup>1</sup>.

Les cardiopathies congénitales causent une mauvaise séparation entre la circulation pulmonaire et systémique. Ces communications indésirables sont appelées des *shunts*, cf. figure 1.1. Comme le précise les études de Carotti *et al.* (1998) et de Schulze-Neick *et al.* (2000), les shunts sont soit intra-cardiaques, *i.e.* au niveau du coeur, soit extra-cardiaques et touchent alors le système vasculaire cardiorespiratoire. En fonction de la différence de pression d'un côté ou l'autre des shunts, le sang de chaque type de circulation peut se mélanger avec l'autre. Ainsi, les cardiopathies sont classées selon deux groupes en fonction de leur physiologie.

- (1) Elles sont non-cyanogènes si les shunts sont *gauche*  $\rightarrow$  *droite*, le sang riche en  $O_2$  se mélangeant alors avec celui riche en  $CO_2$ .
- (2) Elles sont cyanogènes si les shunts sont *droite*  $\rightarrow$  *gauche*, le sang pauvre en  $O_2$  se mélangeant alors avec celui riche. De ce fait, le sang est en permanence désaturé en  $O_2$  et les enfants malades ont la peau bleutée, d'où le nom de la maladie.

Sur le plan clinique, une étude menée par Tegnander *et al.* (2006) montre que trois malformations cyanogènes sont prédominantes. (1) La transposition des gros vaisseaux qui représente 12 % des cas étudiés et correspond à un déplacement de l'aorte et de l'artère pulmonaire. (2) Ensuite vient la tétralogie de Fallot (TOF), avec 7 % des malades puis (3) la sténose et l'atrésie pulmonaire qui représentent respectivement 4 % et 3 % des cas. Alors qu'une sténose est le rétrécissement d'une structure, ici l'artère pulmonaire, l'atrésie correspond quant à elle à

---

1. Troubles génétiques secondaires provoqués par la perte de petits segments chromosomiques, parfois trop petits pour être décelés avec une analyse cytogénétique standard.

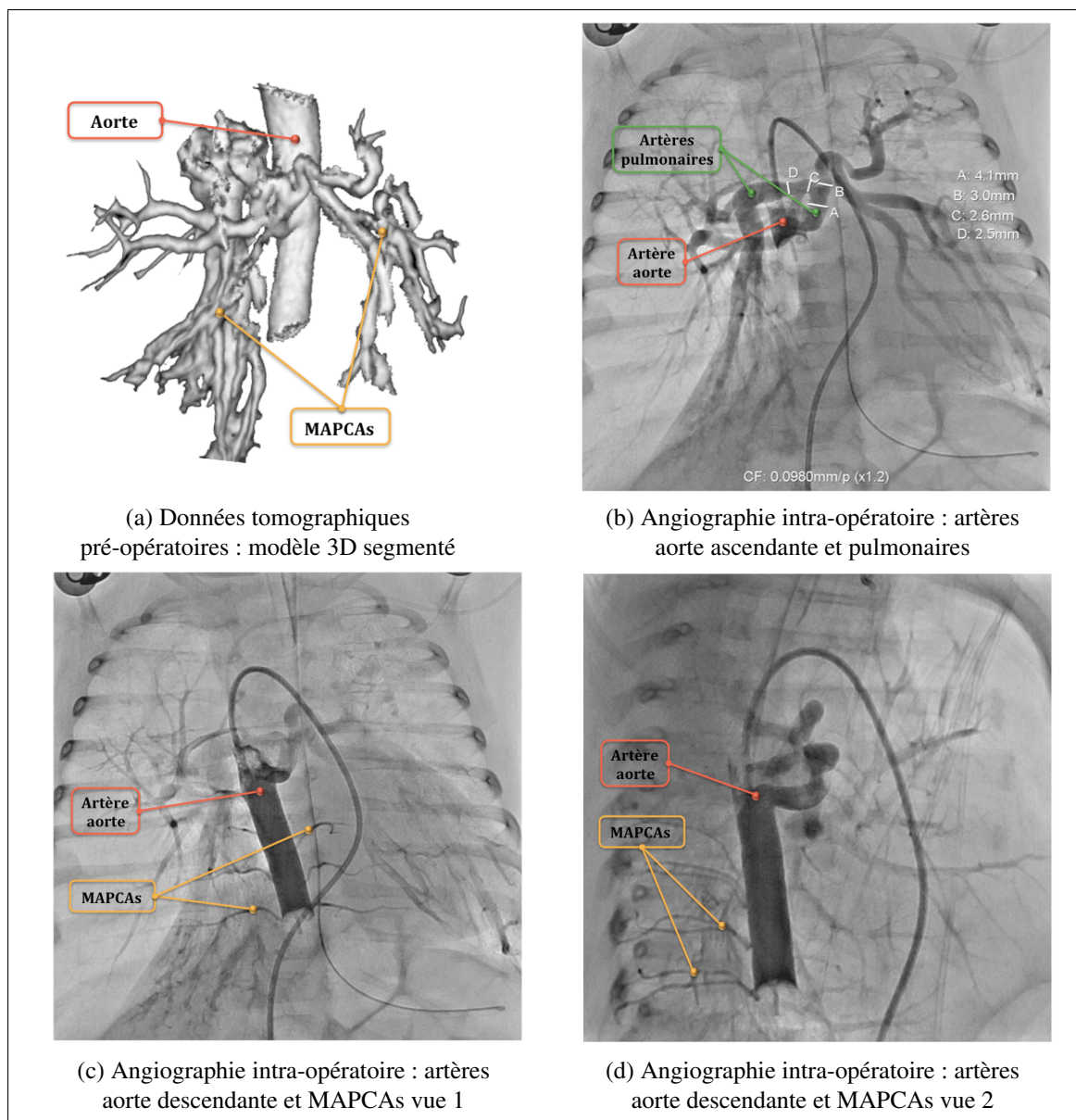


Figure 1.2 Exemples de malformations extra-cardiaques : angiographies de MAPCAs provenant du CHU Sainte-Justine

l'absence ou à la fermeture complète de la structure (Tchervenkov et Roy (2000)). Croti *et al.* (2003) et Lofland (2004) précisent que les cardiopathies cyanogènes sont souvent provoquées par une pathologie mère, la micro-délétion 22q1. Il s'agit de la perte d'un petit fragment du chromosome 22, plus précisément du gène TBX1. Outre les malformations cardiaques, cette maladie génétique se manifeste par d'autres anomalies qui ne sont pas toutes présentes en

même temps chez une même personne. Les plus fréquentes sont des malformations buccales et des retards mentaux qui s'accompagnent souvent d'infections récurrentes dans la petite enfance. La tétralogie de Fallot (TOF) est une pathologie multiple comportant les quatre malformations suivantes : une sténose pulmonaire, une communication inter-ventriculaire qui provoque les shunt intra-cardiaques, une transposition de l'aorte à cheval sur les deux ventricules et une hypertrophie du ventriculaire droite. L'atrésie pulmonaire à septum ouvert (PA-VSD) est la forme la plus sévère de la tétralogie de Fallot. Dans ce cas, il n'y a plus aucune communication entre le ventricule droit du coeur et l'artère pulmonaire. Dans des complications de TOF ou de PA-VSD, alors que la vascularisation pulmonaire, *i.e.* la circulation systémique, est normalement assurée par la veine et l'artère pulmonaire, celle-ci peut être biaisée, en plus, par des shunts extra-cardiaques.

Ces complications sont les artères aorto-pulmonaires collatérales majeures, également nommées MAPCAs. Comme le montre la figure 1.2, ce sont des vaisseaux sanguins indésirables qui partent de l'aorte pour directement se raccorder au système vasculaire pulmonaire. De ce fait, elles forment des shunts extra-cardiaques qui mêlent la circulation systémique de l'aorte avec celle des poumons. Ces artères dérivent probablement du plexus vasculaire splanchnique embryonnaire, *i.e.* l'ensemble des vaisseaux sanguins du thorax présent lors du développement intra-utérin de l'enfant. Comme le mentionnent Haworth et Macartney (1980) et DeRuiter *et al.* (1993), les poumons en formation doivent, comme tous les autres organes, être alimentés en sang pour se développer. Ils sont donc irrigués par des artères partant de l'aorte. Par la suite, celles-ci se résorbent d'elles mêmes au profit de l'artère pulmonaire pour qu'à la naissance, les circulations systémique et fonctionnelle soient séparées. Cependant, si ces artères ne disparaissent pas, elles autorisent toujours un flux sanguin indésirable entre l'aorte et les poumons et deviennent alors des MAPCAs. Les études de Griselli *et al.* (2004) et de Maeda *et al.* (2006) montrent que ces artères collatérales sont des structures extrêmement complexes : leur taille, leur forme, leur nombre et leur topologie varient beaucoup d'un enfant à l'autre. Comme présentée dans l'article de Croti *et al.* (2003), une artère collatérale partant de l'aorte peut fournir des ramifications à un ou aux deux poumons. De même, un segment de poumon peut être ir-

rigué en sang par l'artère pulmonaire seule, par des MAPCAs seules ou, par une combinaison des deux comme dans la figure 1.2. Ainsi, ce sont des pathologies multiples, lourdes et qui présentent différents degrés de sévérité.

Le but des interventions chirurgicales de TOF ou de PA-VSD avec MAPCAs est d'aboutir à une anatomie et à une circulation sanguine du système cardiorespiratoire aussi normales que possible. Ces interventions délicates comprennent deux phases qui peuvent être réalisées soit séquentiellement soit en parallèle.

- (1) Les interventions intra-cardiaque visent à corriger les malformations internes du coeur, *i.e.* les shunts intra-cardiaques provoqués par le TOF ou PA-VSD (Iyer et Mee (1991)).
- (2) Les interventions extra-cardiaque ont pour but de rétablir l'indépendance des circulations systémique et fonctionnelle (Kurosawa (2009)). Ce procédé, appelé unifocalisation, consiste à rassembler le système vasculaire multiple : artère pulmonaire et MAPCAs entre le coeur et chaque poumon en un seul.

D'autres interventions sont également menées pour préparer l'acte chirurgical à proprement parler. Ce sont essentiellement des études hémodynamiques permettant de connaître les pressions sanguines aux différentes ramifications.

## 1.2 Introduction au recalage rigide 3D-2D

Cette section présente les techniques d'imagerie médicale qui permettent d'aligner des données tomographiques 3D pré-opératoires avec des angiographies 2D intra-opératoires afin de supporter les interventions percutanées. Hill *et al.* (2001) définit le recalage comme l'opération de superposer des données médicales, provenant de modalités d'acquisition différentes ou de la même modalité, pour comparer ou combiner leurs informations. En d'autres termes, recalage des données médicales consiste à trouver la transformation géométrique entre leur système de coordonnées respectif afin de les ramener dans un même référentiel. Tous les procédés d'acquisition de données médicales existants sont impliqués : l'échographie à ultrasons, la tomographie axiale calculée (CT) ou par émission de positons (TEP), la résonance magnétique (IRM) et la radiographie. Bien que nombreuses, Maintz et Viergever (1996) distinguent les

méthodes de recalage selon trois critères principaux. Le premier porte sur les procédés d'acquisition en jeux, le second sur le type de tissus ou d'organes à recaler et le dernier sur la technique de mise en correspondance entre les données employées.

### 1.2.1 Recalage d'images médicales

Les données à recaler peuvent avoir différentes dimensions. Par exemple, alors que les données CT, IRM et TEP sont tri-dimensionnelles<sup>2</sup>, les images radiographiques sont bi-dimensionnelles. Ainsi, le recalage est qualifié de 3D-3D entre des données CT et IRM, de 2D-2D entre deux radiographies et de 3D-2D entre, par exemple, des données radiographiques et tomographiques. Comme le précise Wein (2003), le recalage 3D-2D est un problème beaucoup plus difficile car il consiste à aligner des données volumétriques avec des images de dimension plus faible. Ceci implique plus de contraintes, dont la principale est le fait qu'il est très difficile de recaler des données 3D à l'aide d'une seule image 2D. Si la nature, *i.e.* le procédé d'acquisition des données diffère, le recalage est qualifié de multimodal, sinon il est monomodal (Maintz et Viergever (1998)). Le recalage multimodal est surtout utilisé comme support au diagnostique ou comme aide à la préparation des interventions chirurgicales. Le recalage monomodal permet quant à lui de suivre l'évolution de la pathologie d'un patient en comparant à différentes périodes les données acquises.

La diversité des pathologies implique que tous les tissus humains, qu'ils soient durs comme les os ou mous comme le coeur, sont amenés à être recalés. Le nombre de degrés de liberté des transformations recherchées pour aligner les données dépend donc directement des organes impliqués. Ceux-ci définissent, entre autres, la complexité de la technique de recalage. Dans le cas de tissus durs ou de mouvements rigides du patient, les transformations sont des translations ou des rotations des tissus et possèdent six degrés de liberté. Aux mouvements rigides peuvent, en plus, s'ajouter des cisaillements et des mises à l'échelle. Les transformations portent alors douze degrés de libertés. Enfin, des mouvements élastiques, telle la déformation du coeur lors de sa contraction, peuvent également être considérés (Hill *et al.* (2001)). Ces mouvements

---

2. Les données IRM et PET sont dynamiques, c'est à dire qu'elles représentent aussi des variations temporelles des organes. Une quatrième dimension, le temps, peut également être considérée.

possèdent un nombre encore plus important de degrés de liberté et doivent être, de ce fait, modélisés par des représentations non-linéaires complexes (Groher *et al.* (2009)).

Toutes les méthodes de recalage demandent, comme pré-requis, d'établir une correspondance entre les données pour les comparer et ainsi, estimer la transformation géométrique entre leur système de coordonnées. Dans la littérature, les correspondances peuvent être de deux natures, comme le montre la figure 1.3 : par caractéristiques ou par intensité.

Dans le premier cas illustré par la figure 1.3a, les correspondances sont locales et géométriques. Ce sont des ensembles de points qui, s'ils sont assez denses, peuvent former des contours en 2D et des surfaces en 3D. Ils sont définis de façon automatique ou manuelle dans les données à aligner. Maintz et Viergever (1998) recensent deux approches pour retrouver la transformation géométrique entre les données à partir des caractéristiques. La première définit un problème de Procruste<sup>3</sup> (Schonemann (1966)) et consiste à directement minimiser la distance moyenne entre les correspondances par la méthode des moindres carrées (Arun *et al.* (1987)). Bien que rapide, elle nécessite pour fonctionner que les correspondances soient exactes. Pour palier à ce problème, la seconde approche, l'algorithme *Iterative closest point* (ICP) développé par Besl et McKay (1992), minimise toujours la distance entre les correspondances mais de façon itérative. Les correspondances sont ré-associées à chaque itération et l'alignement final est plus précis. Cette approche est particulièrement pertinente si le nombre de caractéristiques est assez important pour former des contours ou des surfaces (Wunsch et Hirzinger (1996), Kita *et al.* (1998) et McLaughlin *et al.* (2005)). La principale faiblesse des caractéristiques géométriques est la précision avec laquelle elles sont définies, une mauvaise correspondance impliquant *de facto* un mauvais alignement. Aussi, le nombre de correspondances est un facteur important. Plus celui-ci est grand, plus le recalage est robuste (Roth *et al.* (1999)). Enfin, les caractéristiques sont définies soit dans les données soit à l'aide d'objets artificiels placés sur le patient et qui jouent le rôle de marqueur. Dans le premier cas, le recalage est dit intrinsèque car il exploite uniquement l'information des données pour les aligner, alors que dans le second,

---

3. Dans la mythologie grecque, Procruste est un aubergiste qui forçait des voyageurs à s'allonger sur un lit et leur coupait ou allongeait les membres afin de faire correspondre la taille de ses victimes à celle du lit.



il est qualifié d'extrinsèque. Les marqueurs physiques, sensible à la modalité d'acquisition utilisée, apparaissent dans les données et définissent automatiquement les caractéristiques. Ils présentent donc l'avantage d'être directement utilisables pour retrouver la transformation sans pré-traitement mais, comme le relève Imura *et al.* (2005), ils posent l'inconvénient d'alourdir le protocole clinique. De plus, cette étude montre que s'ils sont fixés sur des tissus mous, les marqueurs physiques ont tendance à se déplacer ce qui diminue la précision de l'alignement final.

Dans le second cas, les données sont mises en correspondance grâce à leur intensité, comme le montre la figure 1.3b. En premier lieu, cela demande de définir une métrique pour comparer l'intensité des données, celle-ci devant être optimale lorsque les données sont alignées. La position des données est alors progressivement modifiée jusqu'à ce que la métrique soit optimale. À l'inverse du recalage par caractéristiques, le recalage par intensité est global puisqu'il tient compte de toute l'information contenue dans les données. De ce fait, il ne peut néanmoins être qu'intrinsèque. Bien que le recalage par intensité ne demande pas d'extraire des caractéristiques, il peut cependant être nécessaire de segmenter les données pour ne conserver que les structures pertinentes (Bender (2007)). Aussi, l'estimation de la transformation est généralement plus complexe et requiert des techniques d'optimisation avancées. Si le recalage est monomodal, alors les intensités des données sont directement utilisées pour les comparer. S'il est multimodal, Maintz et Viergever (1996) indiquent qu'il est nécessaire de définir d'autres mesures plus complexes décrivant la relation, supposée fonctionnelle ou statistique, entre les données de natures différentes. Un problème inhérent aux algorithmes d'optimisation est que ceux-ci doivent être initialisés proche de la solution recherchée pour converger (Livnyatan *et al.* (2003)). Dans ce groupe, il existe enfin une dernière famille, introduite par Wein *et al.* (2005), qui exploite, non plus les intensités, mais les gradients spatiaux des données. Ces techniques ont l'avantage de ne pas demander de segmentation, l'amplitude des variations en intensité de la structure principale étant supposée grande par rapport à celle des autres structures visibles. Aussi, même si la nature des données projetées change, les notions introduites pour le recalage par intensité restent valables.

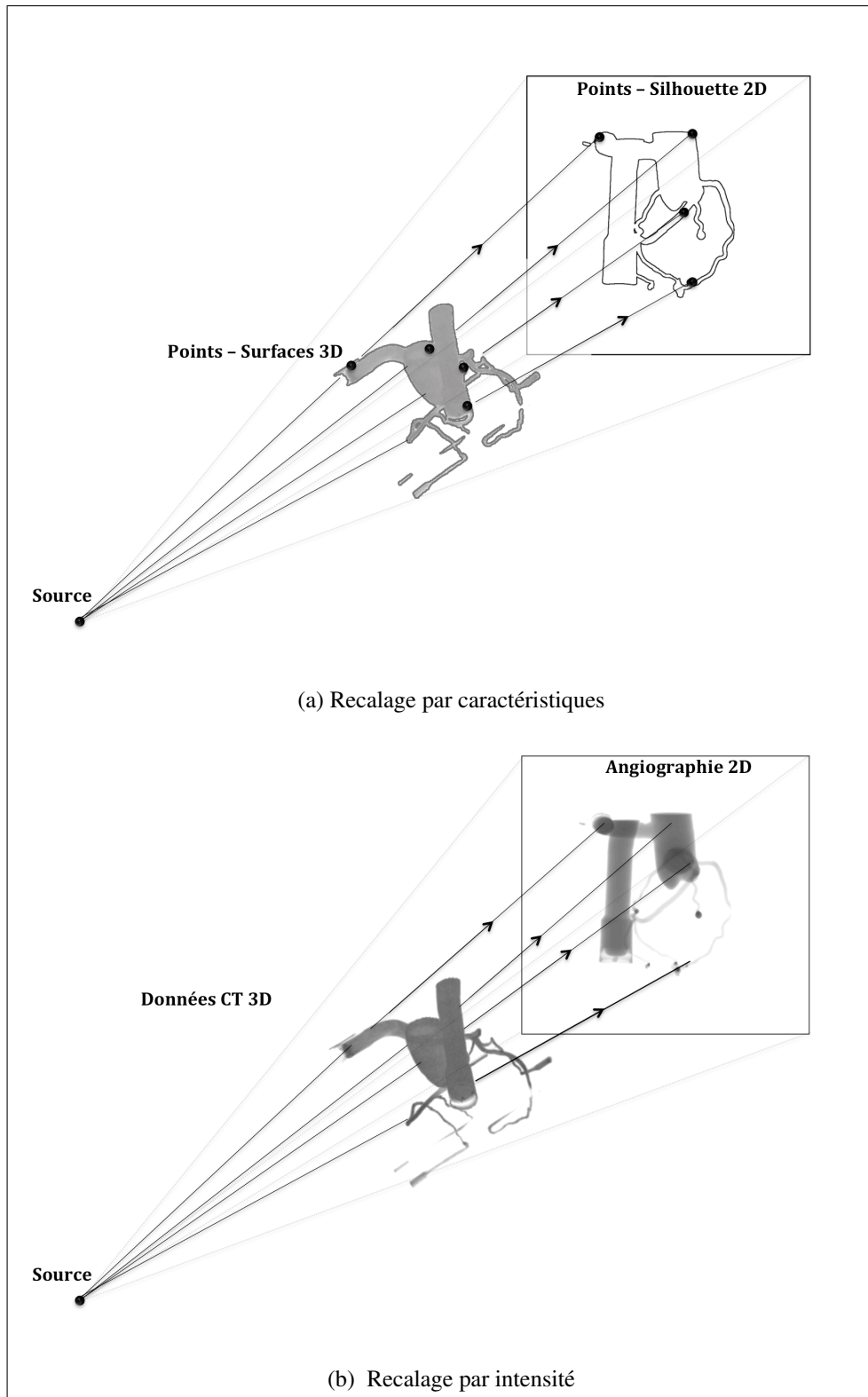


Figure 1.3 Comparaison des deux principales familles des méthodes de recalage 3D-2D de données médicales synthétiques

### 1.2.2 Définition du recalage 3D-2D par intensité

Le suite de la revue de littérature est consacrée à la méthode introduite par Lemieux *et al.* (1994), le recalage rigide 3D-2D intrinsèque et par intensité entre des données tomographiques pré-opératoires 3D avec des angiographies intra-opératoires 2D. Bien que les méthodes de recalage par caractéristiques peuvent être aussi employées, la revue de littérature se concentre plus particulièrement sur les méthodes exploitant l'intensité des données pour deux raisons. D'une part, elles ne nécessitent pas d'établir manuellement des correspondances géométriques et donc le recours à des techniques avancées de segmentation (McLaughlin *et al.* (2005)). D'autre part, considérer toute l'information contenue dans les données médicales est plus fiable que des caractéristiques locales seules. Le recalage 3D-2D consiste à estimer la pose, *i.e.* la position et l'orientation, relative des données tomographiques par rapport aux images radiographiques. Comme le montre le schéma 1.4, le recalage 3D-2D par intensité est un processus itératif qui se compose de trois éléments. Ceux-ci sont, part la suite, détaillés dans la section 1.3.

- (1) **La simulation d'images radiographiques :** Ce procédé modélise l'acquisition radiographique, *i.e.* l'absorption des rayons X par les organes du corps. Il permet de créer des angiographies synthétiques à partir des données tomographiques formant le modèle 3D des organes d'intérêt, ici l'aorte et les MAPCAs. Ce procédé est l'élément clef du recalage car c'est grâce à la comparaison 2D entre les angiographies réelles et celles synthétiques que la pose 3D des données tomographiques est validée, cf. section 1.3.1.
- (2) **Les mesures de similarité :** Ce sont des métriques qui quantifient la ressemblance entre des images en comparant leur intensité. Si les images, ici l'angiographie réelle et synthétique, sont identiques alors les mesures sont en théorie optimales. Plusieurs définitions de la similarité entre des images pouvant être adoptées, il existe un grand nombre de mesures dans la littérature, cf. section 1.3.2.
- (3) **Les algorithmes d'optimisation :** Recaler les données tomographiques demande de changer leur pose 3D par une transformation rigide  $T$  jusqu'à ce que les angiographies synthétiques soient identiques à celles réelles. La recherche de la transformation  $T$  est

alors guidée par un algorithme qui tend à rendre optimales les fonctions objectives que forment les mesures de similarité, cf. section 1.3.3.

Du point de vue mathématique, ce problème consiste donc à trouver la transformation rigide  $T$  à appliquer aux données tomographiques telle que les angiographies simulées à cette pose rendent optimale la mesure de similarité  $O$ . Dans l'équation (1.1), le terme  $P_r$  représente l'opérateur de projection,  $V_{CT}(T)$  les données tomographiques à la pose  $T$  et  $I_{Ang}$  l'angiographie réelle par rapport à laquelle les données CT sont recalées.

$$opt(O(P_r(V_{CT}(T)), I_{Ang})) \quad (1.1)$$

Le recalage 3D-2D est un problème considéré comme mal posé et difficile car il faut retrouver une pose 3D à partir d'informations 2D seulement. En particulier, l'absence d'une dimension, celle de la profondeur relative des données tomographiques par rapport à l'angiographie, rend difficile de précisément estimer la pose 3D. Pour réduire cette incertitude, il est nécessaire d'employer une seconde vue (Zollei *et al.* (2001)). Si les données tomographiques 3D sont recalées par rapport à une angiographie seulement, il s'agit d'un recalage mono-plan, sinon d'un recalage biplan. Les études de Chen *et al.* (2006), de Tomazevic *et al.* (2007) et de Aouadi et Sarry (2008) montrent que l'ajout d'un second plan augmente toujours à la fois la robustesse et la précision de l'alignement. Néanmoins, celui-ci doit être positionné de façon pertinente par rapport au premier plan, par exemple en étant perpendiculaire, pour que la profondeur des données tomographiques puissent être estimée avec confiance.

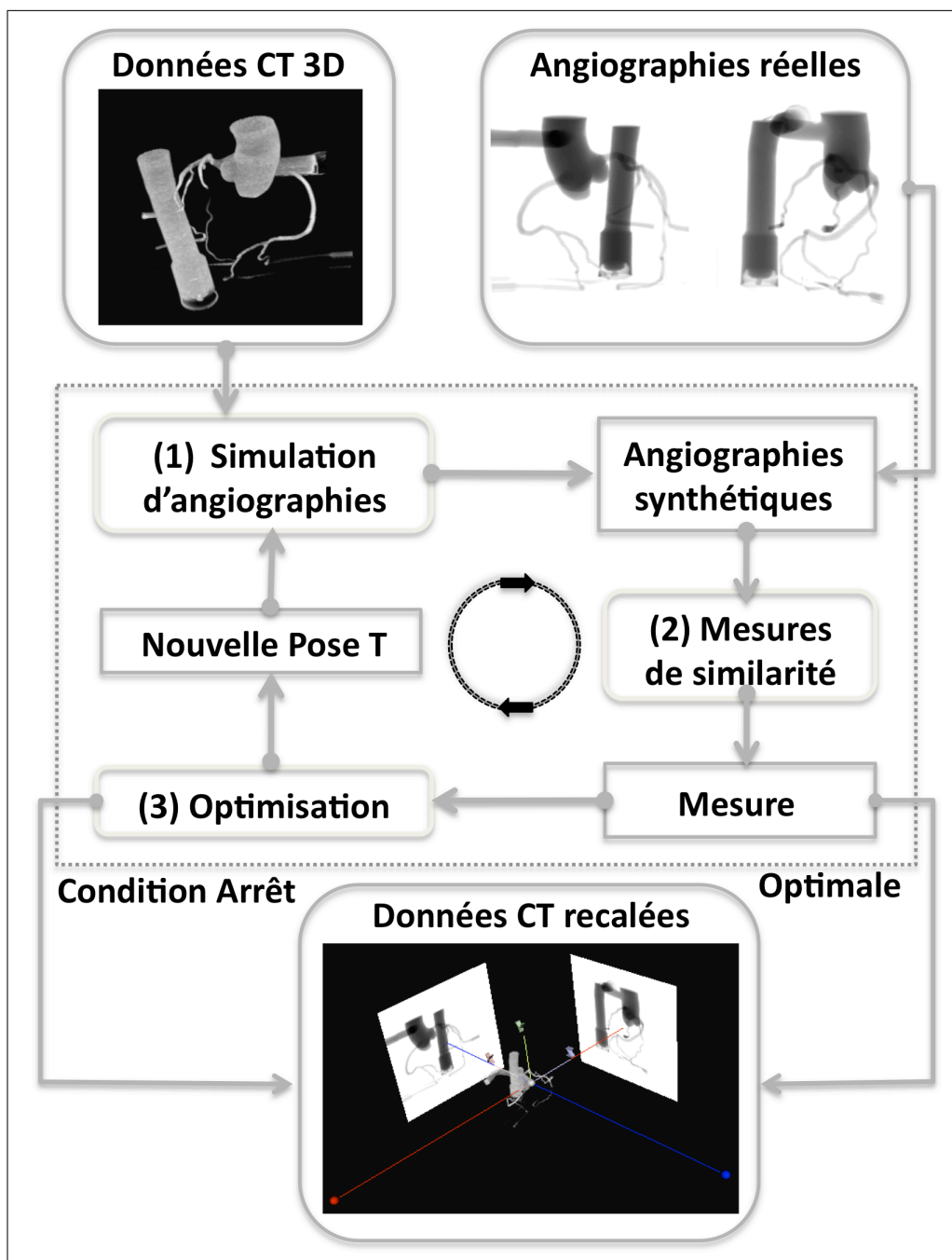


Figure 1.4 Schéma du recalage automatique 3D-2D par intensité

### 1.3 Éléments du recalage par intensité

#### 1.3.1 Simulation des angiographies synthétiques

Ce procédé modélise l'acquisition radiographique, *i.e.* l'absorption des rayons X par les organes du corps que ces derniers traversent. Pour cela, il exploite les données tomographiques 3D dont les intensités représentent des coefficients d'absorption des tissus. Ces données sont constituées d'une série de plans de coupe qui, concaténés, forment un modèle 3D fidèle de la structure vasculaire d'intérêt. Les éléments, par extension aux pixels 2D, sont appelés des voxels 3D. Chaque voxel a donc trois coordonnées  $(i, j, k)$ , la dernière indiquant le numéro du plan de coupe dans la série et les deux premières la position du pixel dans l'image. En simulant la trajectoire d'un rayon entre la source radiographique et un pixel du plan de projection, il est possible de déterminer les coordonnées des voxels que le rayon traverse et ainsi, de calculer son absorption. Les techniques de simulation radiographique existantes sont nombreuses et dérivent principalement des procédés de rendu graphique 3D. En pratique, Metz (2005) indique que ces techniques posent cependant l'inconvénient d'être lentes et représentent, de ce fait, le principal problème du recalage qui est souhaitait temps réel. Un grands nombre de recherches actuelles tentent donc principalement d'accélérer la simulation par des procédés de parallélisation (Roth *et al.* (2004), Ruijters *et al.* (2008), Mori *et al.* (2008), Hissoiny *et al.* (2009) et Gendrin *et al.* (2009)). Dans la littérature, les techniques de simulation d'angiographies sont regroupées en trois familles qui se distinguent essentiellement par la manière dont les voxels à projeter sont récursivement accédé dans les données tomographiques.

La première famille regroupe les techniques dérivant de la théorie de la projection radiographique et qui sont nommées projection de voxels. Les voxels des données tomographiques 3D sont directement projetés sur les pixels de l'image et leur intensité cumulée. Les algorithmes de cette famille sont simples à implémenter, la projection s'exprimant par une série de multiplications matricielles (cf section 2.3.1). De plus, ils sont rapides malgré leur complexité en  $o(n_v)$  importante, où  $n_v$  est le nombre de voxels projetés (Li *et al.* (2006)). Cependant, les images simulées sont altérées par des artéfacts formant des lignes blanches où aucun voxel n'a

été projeté. La discrétisation de la projection implique que certains pixels ne sont atteints par aucun voxel. Les voxels étant représentés comme des points et non des volumes durant l'opération, leurs projections sont également des points et non des surfaces et l'intensité des pixels non atteints reste nulle. Plusieurs méthodes ont été développées afin d'améliorer la qualité des images synthétiques générées. Westover (1990) propose de projeter un noyau gaussien 3D sur le plan image pour ainsi créer, non plus un point de projection, mais une surface. L'aire des surfaces étant supérieure à celle des pixels, les artéfacts disparaissent. Cette technique est très adaptée à la simulation de projection orthographique car les rayons étant tous parallèles, le noyau gaussien ne doit être calculé qu'une fois. Dans le cas d'une projection perspective, les rayons ne sont plus parallèles et il faut, pour chaque voxel projeté, calculer la surface associée ce qui augmente le temps de calcul. À la place, Birkfellner *et al.* (2005) propose de faire légèrement vibrer les données tomographiques et le plan de projection. Ainsi, la probabilité que tous les pixels soient atteints par des voxels augmente. Ce traitement, même s'il est finalisé par un lissage gaussien sur l'image radiographique, n'est pas optimal car les images sont bruitées par la vibration des données. Enfin, Cosman (2000) suggère de lisser l'image par un filtre anti-artéfacts très efficace. Le noyau 2D appelé Convolution de Triangles (COT) est construit par la convolution de deux noyaux 1D triangulaires. Le filtrage se résume à appliquer deux fois un filtre triangulaire 1D dans chaque direction de l'image, ce qui le rend très rapide. De plus, Cosman (2000) montre que la qualité des images filtrées approche celle d'images créées par tracé de rayons (cf. paragraphe suivant) avec, en plus, une interpolation linéaire 3D des données tomographiques.

La seconde technique est appelée tracé de rayons dans la littérature. Comme son nom l'indique, le principe est de tracer des rayons entre les pixels de l'image et la source puis de rechercher les voxels se trouvant sur un même rayon pour sommer leur intensité. Il ne s'agit plus d'une projection mais d'une rétro-projection puisque les rayons sont définis à partir des pixels des angiographies et non des voxels des données tomographiques. Même si la complexité est, là encore, en  $o(n_v)$  (Li *et al.* (2006)), cette approche est plus lente car pour chaque pixel  $n_p$ , il faut définir un rayon et déterminer parmi les  $n_v$  voxels ceux qu'il rencontre. Néanmoins, le

tracé de rayons forme des angiographies synthétiques de grande qualité et c'est pourquoi il est en général préféré (Zollei (2001)). Contrairement aux méthodes de projection, le chemin exact d'un rayon au travers des données tomographiques est déterminé en calculant la longueur du rayon dans chacun des voxels qu'il rencontre. La simulation du l'absorption radiographique est la version la plus simple des techniques de tracé de rayon qui, en plus de simuler l'absorption d'un rayon lumineux, peuvent également considérer sa diffusion et sa réflexion. Dans la littérature, l'algorithme de référence du tracé de rayons pour générer des angiographies synthétiques est celui de Siddon (1985). Par la suite, Jacobs *et al.* (1998) et Zhao et Reader (2003) ont proposés deux améliorations successives pour accélérer ce procédé. En pratique, ces deux algorithmes recherchent plus rapidement les voxels le long des rayons.

La dernière famille, nommée *Shear-warp factorization*<sup>4</sup>, a été introduite par Lacroute et Levoy (1994). Elle associe la rapidité des méthodes par projection, où l'accès aux données tomographiques est séquentiel, avec la qualité des images créées par les techniques de tracé de rayons. Pour cela, les données tomographiques sont exprimées dans un nouveau système de coordonnées appelé l'espace objet cisailé. Les plans de coupe tomographiques sont translatés, cisailés et mis à l'échelle de telle sorte que les rayons perspectifs soient tous parallèles entre eux et perpendiculaires aux plans de coupe. Ainsi, la recherche des voxels le long d'un rayon, comme le calcul de la longueur du rayon dans chacun des voxels qu'il rencontre, sont accélérés. Ensuite, les données tomographiques sont de nouveau transformées pour tenir compte des déformations induits par la projection perspective. Néanmoins, Metz (2005) souligne que la qualité des angiographies synthétiques générées par cette technique reste moindre que celle des images simulées par tracé de rayons. La décomposition dans l'espace cisailé sous-échantillonne les données tomographiques et peut causer des occlusions.

### 1.3.2 Mesure de la similarité de deux images

Les mesures de similarité 2D permettent de quantifier la ressemblance entre les angiographies réelles et simulées. Elles sont utilisées comme des fonctions objectives pour déterminer la

---

4. Le terme anglais est conservé car aucune traduction satisfaisante n'a pu être donnée.



meilleure solution au problème d'optimisation qu'est le recalage 3D-2D par intensité. Wein (2003) révèle que le premier problème des mesures de similarité est leur forte non linéarité, la plus simple étant la somme des différences au carré entre l'intensité des pixels des images. Cette caractéristique complique beaucoup leur étude et tend à limiter l'amplitude de recherche des méthodes de recalage par intensité. De plus, les mesures peuvent être optimales même si les deux images ne sont pas similaires. Cela se produit lorsque la structure n'apparaît pas entièrement dans les images où sa taille est trop petite, le reste du contenu prenant le dessus dans la comparaison. Enfin, leur comportement est lié aux données tomographiques 3D projetées. Dans deux études similaires de recalage 3D-2D de tissus osseux, Penney *et al.* (1998) et Wein (2003) concluent d'une mesure optimale différente. Bender (2007) indique également d'autres problèmes inhérents au recalage de tissus mous. Comme le montre la figure 1.2, les angiographies sont bruitées et des structures anatomiques autres que celles d'intérêt sont également présentes<sup>5</sup>. Ce problème est crucial car si les données comparées sont trop différentes, elles ne seront jamais similaires. De ce fait, les angiographies nécessitent en général certains pré-traitements avant de pouvoir être exploitées (Groher (2008)). Elles doivent être filtrées et/ou segmentées pour extraire les structures d'intérêts pertinentes. Dans d'autres études, comme celle de Turgeon *et al.* (2005), la segmentation est suivie d'une binarisation des images afin de totalement éliminer l'information superflue<sup>6</sup>. Les mesures sont communément classées en trois familles en fonction la définition de la similarité adoptée. Celle-ci peut exploiter l'intensité des pixels des images, la relation spatiale entre les éléments des images ou encore l'information qu'elles contiennent.

Les premières mesures de similarité sont celles basées sur l'intensité des angiographies seulement. Ce sont les métriques les plus simples et les plus rapides à calculer. Les mesures de cette famille sont : la somme des différences au carré des intensité et la somme des valeurs absolues des différences des intensité. Bien que simples, Viola et Wells (1995) révèlent que ces métriques sont optimales si la différence entre les images est un bruit gaussien. Cela implique que les deux images doivent provenir de la même modalité d'acquisition pour que ces mesures

---

5. Ce phénomène est dû à la superposition des structures lors de la projection radiographique.

6. La segmentation et les problèmes s'y rapportant concernent également les données tomographiques 3D.

soient exploitables. En théorie, les deux images comparées sont deux angiographies, mais en pratique, l'une est une vraie radiographie alors que la seconde est simulée à partir des données tomographiques pré-opératoires. Même si Hajnal *et al.* (2001) confirment que les deux modalités d'acquisition radiographique et tomographique sont proches, leur différence est assez importante pour influencer sur le comportement des mesures.

Les secondes sont les métriques basées sur l'information spatiale. Elles appartiennent à la précédente famille mais tiennent également compte des contraintes spatiales sur les pixels évalués. On trouve les mesures basées sur le gradient de l'image : la différence de gradient et la corrélation des gradients (Penney *et al.* (1998)), mais aussi une autre mesure, le motif d'intensité de Weese *et al.* (1997). Cette dernière métrique définit des patrons dans les images, en fait des voisinages de pixels, qui sont égaux si ceux-ci sont identiques. Les gradients présentent deux intérêts majeurs. D'une part, ils permettent de mettre en évidence la topologie de la structure d'intérêt qui présente le plus grand contraste dans l'image par rapport à celle des autres structures anatomiques. D'autre part, il est possible de comparer à la fois la direction et la magnitude des variations en intensité calculées. Bien que McLaughlin *et al.* (2005) concluent que la différence de gradient est la mesure optimale, les mesures de cette familles sont néanmoins sensibles à la présence d'instruments, typiquement les cathéters, qui peuvent les fausser.

Les dernières mesures dérivent de la théorie de l'information de Shannon (1948) dans laquelle les images sont considérées, non plus comme des matrices de pixels, mais comme des sources d'informations 2D. La fonction définissant la quantité d'informations contenue dans une image, l'entropie, est calculée à partir de l'histogramme de l'image. L'avantage de cette représentation est qu'elle ne suppose pas une relation fonctionnelle mais stochastique sur la nature de la relation entre les intensités des images comparées (Wells *et al.* (1996)). Ce sont de fait les mesures privilégiées en recalage 3D-2D multi-modalités car deux signaux de modalités d'acquisition différentes peuvent être comparés (Aouadi et Sarry (2008)). Cette famille comprend l'information mutuelle (Collignon *et al.* (1995)) et l'information mutuelle normalisée (Studholme *et al.* (1999)), le coefficient de corrélation entropique défini par Astola et Virtanen (1982) et enfin l'entropie de la différence des images introduite par Buzug *et al.* (1997).

### 1.3.3 Optimisation de l'alignements des données CT

Le recalage 3D-2D rigide par intensité est un problème d'optimisation non-linéaire à six degrés de liberté. Le but des algorithmes d'optimisation est de trouver par itération la meilleure transformation rigide 3D, *i.e.* les trois translations et les trois rotations, des données tomographiques pré-opératoires en un minimum d'évaluations. Cependant, les mesures de similarité qui guident ces algorithmes ne forment pas des fonctions objectives convexes et présentent, de ce fait, plusieurs optima locaux. Les algorithmes peuvent donc diverger ou converger vers un faux optimum et proposer une pose finale erronée. Ce comportement est particulièrement exacerbé si les données tomographiques présentent des symétries ou encore si la vue retenue pour simuler les angiographies synthétiques est mal choisie. Ainsi, Livyatan *et al.* (2003) indiquent que les algorithmes d'optimisation, utilisés pour le recalage par intensité, doivent être initialisés proches de la solution recherchée. Il existe un grand nombre d'algorithmes dans la littérature, chacun pouvant être complété par des heuristiques pour mieux les adapter aux spécificités du recalage, principalement le mauvais comportement des mesures causé par leur non-linéarité. Les algorithmes d'optimisation sont généralement classés en deux familles, selon qu'ils évaluent simplement différentes transformations 3D pour se guider ou qu'ils étudient, en plus, les variations de la mesure de similarité en fonction des transformations 3D pour accélérer la convergence. Par un abus de langage, les algorithmes de la première famille sont appelés itératifs, ceux de la seconde dérivatifs. Enfin, Lewis et Torczon (1999) mentionnent que les algorithmes d'optimisation peuvent être contraints ou non-contraints. Dans le premier cas, l'amplitude maximale des transformations est fixée et l'espace de recherche fini, ce qui empêche l'algorithme de trop diverger le cas échéant. Néanmoins, cela impose de bien estimer les amplitudes afin d'être sûr que la transformation solution ne se trouve pas hors de l'espace de recherche défini. Dans le second cas, l'espace de recherche n'est pas borné et l'algorithme a alors plus de chance de diverger.

Les algorithmes itératifs évaluent, selon un schéma de recherche pré-déterminé, la meilleure pose des données tomographiques 3D dans un voisinage autour de leur pose courante. Dans cette famille, l'algorithme le plus simple mais également l'un des plus performant est le *Hill*

*Climbing* développé par Hooke et Jeeves (1961) et employé par Studholme *et al.* (1996) et Wein (2003). Ensuite viennent l'algorithme de Powell (Powell (1964)) et celui du *Downhill Simplex* proposé par Nelder et Mead (1965). Khamene *et al.* (2006) indiquent même que s'ils peuvent être plus lents, les algorithmes itératifs présentent des résultats au moins aussi bons que ceux obtenus par les dérivatifs.

Les algorithmes dérivatifs étudient, en plus, les variations de la mesure de similarité en fonction des transformations rigides pour accélérer la convergence. Ils appartiennent aux méthodes à direction de descente où se retrouvent : l'algorithme de descente du gradient exploité par Zollei *et al.* (2001) et van der Bom *et al.* (2001), l'algorithme de Levenberg-Marquardt proposé par Marquardt (1963) qui interpole la descente de Gauss-Newton avec celle du gradient ou encore l'algorithme L-BFGS de Fletcher (1970) qui applique la descente de quasi-newton. Tous ces algorithmes recherchent itérativement la meilleure solution en supposant que la fonction objective, *i.e.* la mesure de similarité, est dérivable dans le voisinage de la pose courante. Le développement analytique du gradient des mesures de similarité en fonction des transformations des données tomographiques 3D est souvent complexe, les mesures étant non-linéaires (Wells *et al.* (1996)). Seules l'information mutuelle et la somme des différences au carré des intensités sont assez simples pour calculer analytiquement leur gradient, comme le font Thevenaz et Unser (2000) et Zollei *et al.* (2001). Dans le cas où les mesures de similarité sont trop complexes pour étudier analytiquement leurs variations, Grabner *et al.* (2008) préconisent d'estimer leurs gradients par des différences finies ou centrales.

Pour augmenter la robustesse aux faux minima et la dimension de l'espace de recherche, deux principales stratégies sont employées (Markelj *et al.* (2010)). La première ne concerne pas les algorithmes d'optimisation mais les angiographies. Des images à différentes échelles et/ou résolutions peuvent être utilisées pour adoucir les mesures de similarité et ainsi diminuer l'amplitude des faux minima (Aouadi et Sarry (2008)). Néanmoins, sous-échantillonner les images présente le risque de supprimer des caractéristiques importantes dans celles-ci. Ainsi, la mesure de la similarité entre les angiographies peut être détériorée et la probabilité que l'algorithme d'optimisation converge vers un faux optimum peut augmenter. La seconde consiste à ramener

automatiquement les paramètres du recalage dans le voisinage de recherche des algorithmes, *i.e.* trouver une pose initiale des données tomographiques proche de celle solution. Ce problème est résolu soit par des approches multi-initialisations séquentielles ou parallèles, soit par l'utilisation de la méthode empirique des recuits simulés (Zollei *et al.* (2001)), de la méthode stochastique de Monte Carlo (Florin *et al.* (2005) et Groher (2008)) ou de bien d'autres : Penney *et al.* (1998), Dey et Napel (2006) et Hurvitz et Leo (2008). Bien que robustes, ces approches sont lentes car elles demandent des ressources importantes en calcul.

### 1.3.4 Initialisation du recalage par intensité

Le recalage 3D-2D rigide par intensité est un problème mal posé puisqu'il faut estimer une transformation rigide 3D à l'aide d'informations 2D. Toutes les méthodes de recalage par intensité doivent, de ce fait, être initialisées proches de la solution. Wein (2003) mentionne que les algorithmes d'optimisation convergent en général dans un espace de recherche d'amplitude 20mm pour les translations et 20° pour les rotations. Pour initialiser le recalage, deux approches peuvent être employées. Dans la première, totalement manuelle, un opérateur déplace les données tomographiques 3D jusqu'à ce que les angiographies synthétiques générées concordent avec les images réelles. En pratique, un tel procédé est long, demande beaucoup d'expérience à l'opérateur mais est très robuste. Dans la seconde approche, l'alignement peut être réalisé grâce à une méthode de recalage semi-automatique 3D-3D par caractéristiques. Cette approche est intéressante car la transformation recherchée est estimée par la mise en correspondance manuelle d'un petit nombre de caractéristiques entre les données. Elle est de ce fait plus rapide que la première mais nécessite que les correspondances soient précisément établies. Enfin, ce problème de recalage 3D-3D doit, dans le contexte de l'étude, être défini à partir du problème de recalage 3D-2D.

Que ce soit en vision traditionnelle ou radiographique, la théorie de la projection affirme qu'un voxel 3D projeté sur un pixel appartient au rayon entre ce pixel et la source. À l'inverse, Papalazarou *et al.* (2009) indiquent que la rétro-projection du pixel 2D définit un rayon le long duquel le voxel 3D se trouve mais une profondeur inconnue. Dans leur étude, Hurvitz et Leo

(2008) exploitent ce principe pour initialiser grâce à un recalage par caractéristiques un recalage par intensité. Un groupe de points 3D est d'abord défini dans les données tomographiques à leur pose actuelle puis, des angiographies simulées. Ensuite, une mise en correspondance manuelle entre les pixels des angiographies synthétiques sur lesquelles les points 3D sont projetés et les pixels associés dans les angiographies réelles est réalisée. Elle permet de définir, pour chaque point 3D, le rayon retro-projeté le long duquel il se trouve. Bien que la profondeur de chaque point 3D, pris indépendamment, reste inconnue, l'utilisation de plusieurs points forme une contrainte suffisante pour estimer avec confiance leur position. Pour cela, Hurvitz et Leo (2008) minimisent au sens des moindres carrées la somme des distances entre les points 3D et leurs rayons rétro-projetés associés. Bien que performante, cette technique présente la faiblesse de ne s'appuyer sur aucune étude analytique pour prouver la convergence de la fonction à minimiser.

#### 1.4 Sommaire de la revue des connaissances

La revue de littérature s'est concentrée sur le recalage rigide par intensité de structures vasculaires, l'aorte et les MAPCAs, et non osseux comme dans la plupart des études. Ce domaine de recherche est encore récent et peu exploré. Les articles sur ce sujet sont donc rares et ne concernent que des systèmes vasculaires adultes. De plus, la plupart d'entre eux proposent des méthodes par points caractéristiques : Kita *et al.* (1998), Groher *et al.* (2006) et Ruijters *et al.* (2009) même si les articles de Aylward *et al.* (2002), de Jomier *et al.* (2006) et de Groher (2008) détaillent des techniques plus avancées tenant compte de la topologie des structures vasculaires. Seuls les articles de Hipwell *et al.* (2003), de Turgeon *et al.* (2005) et de McLaughlin *et al.* (2005) font exception en proposant des méthodes par intensité. En ne tenant pas compte de la nature rigide ou élastique des organes, il existe un nombre important de techniques de recalage rigide 3D-2D multimodalité par intensité dans la littérature. Hormis le procédé de simulation radiographique, elles diffèrent principalement par le choix de l'algorithme d'optimisation et celui de la mesure de similarité pour comparer les images. Néanmoins, établir une critique des techniques existantes est difficile (Markelj *et al.* (2010)). En effet, celles-ci sont évaluées soit avec données synthétiques, soit avec des données réelles mais qui ne peuvent

être partagées pour des raisons liées à la confidentialité. De plus, les méthodes comme les métriques d'évaluation diffèrent d'une étude à l'autre, ce qui biaise encore les comparaisons. Bien qu'il n'existe pas de standard d'évaluation, certaines conclusions, résumées dans le tableau 1.1, ressortent pourtant au travers de la revue des connaissances.

À la différence des tissus osseux très sensibles aux rayons X, les tissus vasculaires cardiaques et pulmonaires y sont transparents et ne pourraient être visibles dans les données tomographiques 3D et les angiographies 2D sans l'emploi d'un agent de contraste. Le produit de contraste est une solution iodée sensible aux rayons X qui, injectée par voie artérielle, circule dans le système vasculaire et le rend opaque à la radiographie. Malgré l'emploi de l'agent de contraste, les tissus mous apparaissent, de manière générale, bruités et moins contrastés dans les données alors que les structures osseuses vont avoir tendance à être saturées et contrastées. De ce fait, il est nécessaire que les angiographies simulées à partir des données tomographies soient très précises pour que le recalage fonctionne. Les méthodes de tracé de rayon offrent les images de meilleure qualité et sont les plus couramment employées pour recaler par intensité des tissus mous (Hissoiny *et al.* (2009) et McLaughlin *et al.* (2005)). Même si celles-ci sont lentes, les techniques actuelles de parallélisation permettent maintenant de les accélérer (Metz (2005)). Bien que formant des images de qualité moindre et qui présentent des artéfacts, les méthodes de simulation par projection de voxels ont l'avantage de dériver de la théorie de la projection perspective. Leur implémentation est donc simple et des modèles de projection complexes, incluant par exemple des distorsions, peuvent être facilement inclus (Cosman (2000)). De plus, les informations du standard DICOM<sup>7</sup>, qui contiennent les paramètres de calibrage du système d'acquisition radiographique, respectent ce formalisme théorique. Ces techniques de projection ont également l'avantage d'être nativement plus rapides que celles par tracé de rayons et, comme elles, parallélisables (Gendrin *et al.* (2009)). Enfin, les techniques de filtrage anti-artéfacts proposées par Cosman (2000) et Birkfellner *et al.* (2005), performantes avec des structures osseuses, n'ont jamais été employées pour simuler des angiographies de tissus mous avec agent de contraste.

---

7. <http://medical.nema.org/>

Concernant les mesures de similarité, celles basées sur l'information spatiale et issues de la théorie de l'information prédominent. Bien que les angiographies synthétiques soient sensées simuler des angiographies réelles, Metz (2005) indique que la différence d'énergie entre les modalités d'acquisition radiographique et tomographique affecte la relation entre les intensités des images. Cette relation étant fortement non linéaire, le recalage est multimodal et les mesures basées sur l'intensité seule ne sont pas appropriées, cf. section 1.3.2. Brown et Boulton (1996) confirment ce point en indiquant que ces mesures sont optimales si et seulement si la différence entre les images est un bruit gaussien. Les mesures exploitant l'information spatiale sont donc à l'inverse plus pertinentes et beaucoup employées. Étant basées sur les variations spatiales des images, par exemple les contours des structures anatomiques d'intérêt, elles sont plus adaptées au recalage multimodalité. De plus, Penney *et al.* (1998) et Hipwell *et al.* (2003) trouvent tous deux, en recalant respectivement des tissus osseux et des tissus mous, que la différence de gradients est la mesure la plus fiable. À contrario, Russakoff *et al.* (2003a) concluent, avec méthode de recalage multimodalité entre des données tomographiques et des angiographies de tissus osseux, que les métriques provenant de la théorie de l'information sont optimales avec des données réelles.

Les algorithmes d'optimisation itératifs, en particulier ceux du *Downhill Simplex* et de *Powell*, sont majoritairement employés comme le mentionne Markelj *et al.* (2010). Khamene *et al.* (2006) montrent que le *Hill Climbing* et l'algorithme de *Powell* offrent des résultats au moins similaires à une descente de gradients. Wein (2003) et Russakoff *et al.* (2003b) précisent quant à eux que le *Hill Climbing* est plus fiable et robuste que l'algorithme de *Powell*, même s'il est plus lent. Les algorithmes dérivatifs estiment les variations de la mesure de similarité en fonction des paramètres de transformation pour accélérer la convergence. La non-linéarité des mesures de similarité implique qu'en pratique, le calcul analytique de ce gradient est difficile. Celui-ci est approché par des différences finies ou centrales (Grabner *et al.* (2008)), ce qui augmente le nombre de mesures de similarité à réaliser, donc d'angiographies synthétiques à créer et de ce fait le temps de calcul. Ainsi, les algorithmes dérivatifs peuvent ne pas être plus rapides que ceux itératifs, même si l'algorithme L-BFGS employé par van der Bom *et al.*



(2001) s'avère relativement rapide et fiable. Enfin, l'auteur précise dans la même étude que l'amplitude de recherche des algorithmes dérivatifs est plus faible que celle des algorithmes itératifs.

Comme il a été vu à la section 1.3.4, l'initialisation des techniques de recalage par intensité est peu développée dans la littérature où elle est généralement supposée manuelle. Hill *et al.* (2001) précisent que seule une méthode de Procrustes 3D (Schonemann (1966)), *i.e.* un recalage 3D-3D par caractéristiques géométriques, peut permettre un calcul simple et rapide de la transformation rigide, cf. section 1.2.2. Ainsi, seules des méthodes semi-automatiques peuvent être envisagées (Hurvitz et Leo (2008)) car il faut identifier très précisément les correspondances dans les données à aligner.

Tableau 1.1 Aperçu des algorithmes d'optimisation et des mesures de similarité employés pour le recalage 3D-2D rigide par intensité

	Mesures de similarité		
	Intensité	Spatiale	Information
<b>Optimisations</b>	(+) Simples à implémenter, facilement différenciables (-) Modalités d'acquisition identiques	(+) Filtrage des tissus mous, norme et direction du gradient comparées (-) Sensibles aux instruments	(+) Modalités d'acquisition différentes (-) Ne tiennent pas compte des informations spatiales
<b>Hill Climbing</b> (+) Très simple à implémenter, robuste, pas de gradient (-) Convergence un peu lente	Penney <i>et al.</i> (1998) - Wein (2003) - Khamene <i>et al.</i> (2006)	Penney <i>et al.</i> (1998) - Wein (2003) - Wein <i>et al.</i> (2005) - Khamene <i>et al.</i> (2006)	Penney <i>et al.</i> (1998) - Wein (2003) - Khamene <i>et al.</i> (2006)
<b>Powell</b> (+) Plus rapide, pas de gradient (-) Sensible à l'ordre des paramètres, très employé	Wein (2003) - Khamene <i>et al.</i> (2006)	van der Bom <i>et al.</i> (2001) - Wein (2003) - McLaughlin <i>et al.</i> (2005) - Dey et Napel (2006) - Khamene <i>et al.</i> (2006)	Wein (2003) - Khamene <i>et al.</i> (2006)
<b>Downhill Simplex</b> (+) Simples à implémenter, pas de gradient (-) Convergence lente, peu robuste, très employé	Birkfellner <i>et al.</i> (2009)	van der Bom <i>et al.</i> (2001)	Turgeon <i>et al.</i> (2005)
<b>Decente de gradient</b> (+) Simple à implémenter (-) Calcul du gradient, convergence lente, sensible à la mesure	Wein (2003) - Khamene <i>et al.</i> (2006)	van der Bom <i>et al.</i> (2001) - Wein (2003) - Khamene <i>et al.</i> (2006)	Zollei <i>et al.</i> (2001) - Wein (2003) - Khamene <i>et al.</i> (2006)
<b>Levenberg-Marquardt</b> (+) Plus robuste (-) Calcul du gradient, le problème doit être de moindres carrées			Thevenaz et Unser (2000)
<b>L-BFGS</b> (+) Convergence rapide, robuste (-) Calcul du gradient	Grabner <i>et al.</i> (2008)	van der Bom <i>et al.</i> (2001)	

## CHAPITRE 2

### MÉTHODOLOGIE

Ce chapitre développe les différents éléments de méthodologie employés afin d'aligner des données tomographiques avec des angiographies de structures vasculaires cardio-pulmonaires et ainsi, rendre les interventions percutanées de ces malformations plus sécuritaires. Dans la méthodologie, deux techniques de recalage rigides 3D-2D distinctes sont développées.

La première méthode a pour but d'initialiser rapidement le recalage automatique par intensité. Cette technique semi-automatique basée sur des points caractéristiques est, dans la suite du mémoire, nommée recalage par contraintes projectives. Bien que ce ne soit pas l'objet principal de l'étude, ce problème d'initialisation est abordé pour deux raisons. D'une part, Hajnal *et al.* (2001) indiquent qu'il est nécessaire d'amener la pose des données tomographiques 3D dans l'intervalle de convergence des algorithmes d'optimisation qui est petit à cause de la forte non-linéarité des mesures de similarité. D'autre part, l'initialisation, en général manuelle, peut s'avérer laborieuse. En pratique, un opérateur doit amener les données tomographique 3D, définies dans le repère du système d'acquisition CT, dans le repère du système d'acquisition radiographique. Pour cela, des angiographies synthétiques sont générées jusqu'à ce qu'elles concordent visuellement aux images réelles.

La seconde méthode est le recalage par intensité qui permet d'optimiser, de façon itérative, la précision de l'alignement. À chaque itération, la pose des données tomographiques pré-opératoires est altérée et des angiographies synthétiques sont générées jusqu'à ce qu'elles soient similaires aux images réelles, les données pré-opératoires 3D et intra-opératoires 2D étant alors alignées. Dans un premier temps, il faut créer des angiographies synthétiques pour valider la pose courante des données tomographiques par rapport aux angiographies réelles. Dans la suite du mémoire, les angiographies synthétiques sont notées DRRs pour *Digital Reconstructed Radiographs* (Siddon (1985)). Parmi les différentes techniques existantes, la projection de voxels vibrants (Birkfellner *et al.* (2005)) est retenue en raison de sa simplicité d'im-

plémentation et de sa rapidité. Pour augmenter la qualité des images, le filtre COT proposé par Cosman (2000) est employé pour compléter la précédente technique. Dans un second temps, il faut mesurer la similarité entre les DRRs et les angiographies réelles. Pour cela, l'information mutuelle normalisée (*NMI*) employée par Pluim *et al.* (2003), le coefficient de corrélation entropique (*ECC*) utilisée par Turgeon *et al.* (2005) et la différence des gradients (*GD*) introduite par Penney *et al.* (1998) sont retenus. Dans un dernier temps, les algorithmes d'optimisation choisis pour guider la recherche de la transformation sont : l'algorithme itératif *Hill Climbing* (Hooke et Jeeves (1961)) et celui dérivatif L-BFGS : *Limited memory Broyden-Fletcher-Goldfarb-Shanno*<sup>1</sup>, introduit entre autres par Fletcher (1970). Les MAPCAs et l'aorte étant des structures de très petite taille (Schulze-Neick *et al.* (2000)), deux approches sont proposées pour améliorer la précision du recalage. La première est un nouvel algorithme d'optimisation, dérivée du *Hill Climbing* de Hooke et Jeeves (1961) dont le schéma de recherche, *i.e.* la manière d'évaluer les paramètres de la transformation, considère plus de poses possibles pour les données tomographiques. Ceci a pour effet de densifier l'espace de recherche et pour cette raison, cet algorithme est nommé *Dense Hill Climbing*. La seconde approche porte sur la définition de la transformation rigide recherchée. Elle consiste à exprimer la transformation dans le repère d'un des plans de projection<sup>2</sup> et non pas, comme en général, dans le repère de référence du système d'acquisition radiographique, cf. figure 2.1. Ainsi, les données tomographique 3D se déplacent toujours dans le repère de référence mais dans la direction des axes du repère du plan de projection choisi. Lors de l'optimisation durant laquelle chacun des paramètres composant la transformation est évalué un à un, ce formalisme permet de clairement discriminer leur influence respective sur la mesure de similarité et ainsi, de mieux guider la recherche.

Ce chapitre se divise en quatre sections. La première présente la géométrie du système d'acquisition radiographique modélisée car c'est également dans cette géométrie que les méthodes de recalage sont définies. La seconde est consacrée à l'alignement initial par la méthode de recalage par contraintes projectives. La troisième détaille quant à elle les trois éléments du recalage

---

1. Ce sont les noms des quatre mathématiciens qui ont découvert cette méthode. Dans cette étude, nous avons utilisé l'implémentation de Naoaki Okazaki, cf. <http://www.chokkan.org/software/liblbfgs/>.

2. Le recalage étant biplan, il faut en choisir un parmi les deux plans. N'importe lequel peut être considéré.

par intensité, à savoir : la simulation d’angiographies synthétiques, la mesure de la similarité entre deux angiographies et l’optimisation de la recherche de la transformation rigide. Enfin, la dernière section décrit les plans d’expériences conçus pour valider chacune des méthodes proposées.

## 2.1 Géométrie d’un système d’acquisition radiographique

Le système d’acquisition radiographique présent au Centre Hospitalier Universitaire (CHU) Sainte-Justine est un système C-Arm. Il est ainsi appelé à cause du demi cercle ou du  $C$  que forme le bras entre la source radiographique et le plan de projection. Le C-Arm que possède le CHU Sainte-Justine a l’énorme avantage d’être biplan comme le modélise la figure 2.1. Il est, de ce fait, composé de deux sources radiographiques ( $S_1, S_2$ ) et de deux plans de projection ( $P_1, P_2$ ) qui permettent d’acquérir en parallèle deux angiographies des organes d’intérêt selon deux vues différentes. Chaque sous-système source-plan possède trois degrés libertés. L’axe optique, segment entre la source et le centre du plan de projection, est l’unique axe de translation. Le centre de rotation du C-Arm, supposé commun aux deux sous-systèmes, est fixe et défini à l’iso-centre. La source et le plan tournent en même temps de telle sorte que l’axe optique soit toujours perpendiculaire au plan de projection. La rotation autour de l’axe optique n’est pas permise.

Afin de ne pas alourdir le texte, les systèmes de coordonnées sont introduits pour un seul système C-Arm. Par convention, c’est le premier en rouge sur la figure 2.1. Le paramètre  $SID$  est la distance entre la source et le plan de projection, également nommé intensificateur. Les scalaires ( $SOD, IOD$ ) sont les distances entre la source, le plan de projection et l’iso-centre tels que  $SID = |SOD| + |IOD|$ . À l’iso-centre est placé le repère absolu et fixe  $\mathcal{R}_a$ , par rapport auquel tous les autres repères, *i.e.* leur position et orientation, sont eux mêmes définis. C’est également dans ce repère que sont exprimées, en millimètres, toutes les coordonnées. Le repère  $\mathcal{R}_v$  est attaché aux données tomographiques 3D et placé en leur centre. Les repères  $\mathcal{R}_s$  et  $\mathcal{R}_p$  décrivent les poses respectives de la source et du plan de projection. Ces deux repères sont toujours alignés et leur axe  $\vec{z}$  est confondu avec l’axe optique de la projection perspective.

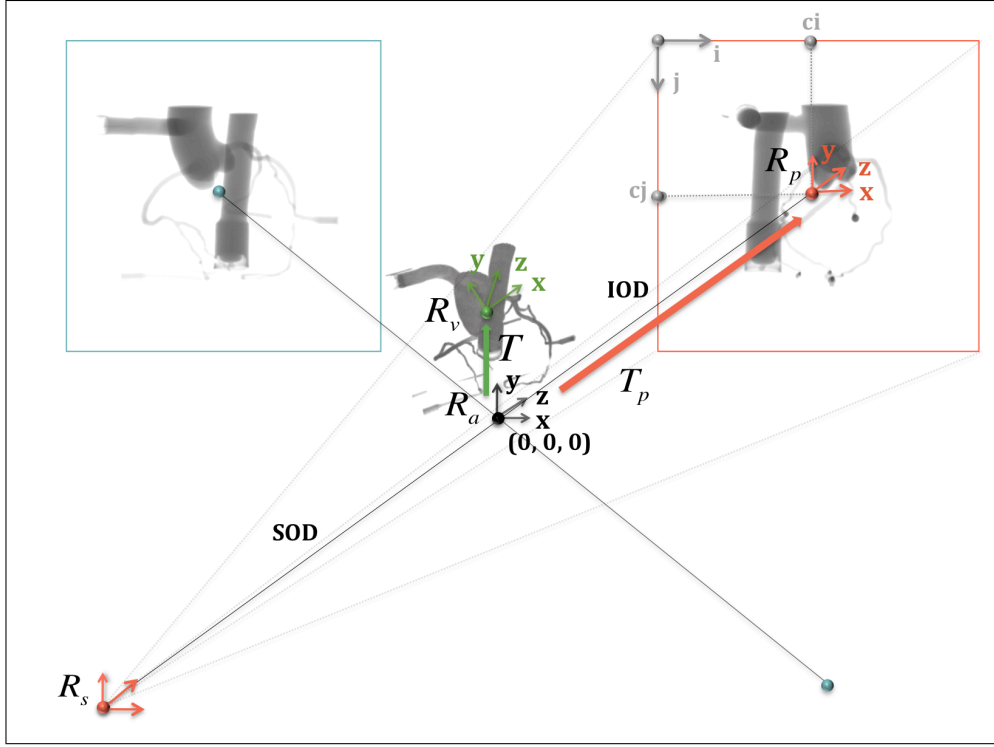


Figure 2.1 Géométrie d'un système d'acquisition radiographique C-Arm biplan

Enfin,  $(T, T_s, T_p)$  sont les matrices de transformation  $4 \times 4$  qui décrivent les poses des repères  $(\mathcal{R}_v, \mathcal{R}_s, \mathcal{R}_p)$  par rapport à celui de référence  $\mathcal{R}_a$ . Elles sont exprimées en coordonnées homogènes afin de représenter les rotations et les translations à l'aide d'une seule matrice, cf. équation (2.1). Les termes  $R$  et  $\mathbf{t}$  sont respectivement la matrice de rotation et le vecteur de translation 3D associés à la matrice homogène  $T$ .

$$T = \begin{pmatrix} R & \mathbf{t} \\ \mathbf{O}_3^\top & 1 \end{pmatrix} \quad R = \begin{pmatrix} r_{11} & r_{12} & r_{13} \\ r_{21} & r_{22} & r_{23} \\ r_{31} & r_{32} & r_{33} \end{pmatrix} \quad \mathbf{t} = \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix} \quad (2.1)$$

Par la suite, le but de la méthode de recalage 3D-2D est de déterminer la matrice de transformation rigide  $T$  des données tomographiques 3D, *i.e.* les 3 paramètres du vecteur de translation  $\mathbf{t}$  et les 9 coefficients de la matrice de rotation 3D  $R$ . Il est important de noter que dans la figure 2.1, les données tomographiques 3D sont supposées déjà transformées dans le repère  $\mathcal{R}_a$ . Après leur acquisition, celles-ci forment une série de plans de coupe, *i.e.* des images 2D de la

structure d'intérêt dont les éléments, par extension aux pixels en 2D, sont appelés des voxels en 3D. Les coordonnées des voxels sont exprimées selon les axes  $(\vec{i}, \vec{j}, \vec{k})^3$  des plans de coupe et non selon les axes  $(\vec{x}, \vec{y}, \vec{z})$  du repère  $\mathcal{R}_a$  en millimètres. En pratique, les données tomographiques doivent donc d'abord être amenées à l'iso-centre du système C-Arm de telle sorte que les repères  $\mathcal{R}_a$  et  $\mathcal{R}_v$  soient confondus. C'est à partir de cette pose initiale que la transformation  $T$  à retrouver par le recalage par intensité est définie.

## 2.2 Initialisation du recalage par intensité

Cette section présente la technique d'initialisation semi-automatique du recalage par intensité. Il est nécessaire d'amener les données tomographiques proche de leur vraie pose pour que la méthode de recalage par intensité fonctionne (Markelj *et al.* (2010)). Le principe de la méthode de recalage semi-automatique présentée est de construire deux sous-groupes de points 3D caractéristiques, notés  $(\mathbf{G}_a, \mathbf{G}_r)$ , et qui décrivent les poses 3D actuelle et recherchée des données tomographiques. Une fois définis, ces deux ensembles permettent de calculer la transformation rigide relative  $T$  entre elles. La méthode présentée, les contraintes projectives, dérive de celle développée par Hurvitz et Leo (2008) qui comporte trois étapes :

- (1) Le premier groupe  $\mathbf{G}_a$  est manuellement défini dans les données tomographiques en ne conservant qu'un sous-ensemble de voxels pertinents.
- (2) Des pixels caractéristiques 2D associés aux points 3D de  $\mathbf{G}_a$  sont manuellement identifiés dans les angiographies par rapport auxquelles les données tomographiques doivent être alignées. Ces pixels caractéristiques, lorsqu'ils sont retro-projetés, forment les rayons le long desquels les nouvelles positions des points de  $\mathbf{G}_a$ , *i.e.* les points du second groupe  $\mathbf{G}_r$ , peuvent être déterminées, cf. section 1.3.4.
- (3) Ayant défini les correspondances 3D-2D, Hurvitz et Leo (2008) minimisent la distance entre chaque points 3D de  $\mathbf{G}_a$  et le rayon associé pour former le second groupe  $\mathbf{G}_r$ . Une fois les deux ensembles  $\mathbf{G}_a$  et  $\mathbf{G}_r$  définis, la transformation rigide  $T$  à retrouver peut alors être calculée.

---

3. Les deux premier axes  $(\vec{i}, \vec{j})$  sont ceux de chaque image, le dernier  $\vec{k}$  repère les plans de coupe dans la série.

### 2.2.1 Recalage semi-automatique par contraintes projectives

Dans cette étude, l'hypothèse de rigidité sur la transformation  $T$  et les données tomographiques 3D permet d'employer une autre formulation que celle de Hurvitz et Leo (2008) pour estimer la profondeur des points du second groupe  $\mathbf{G}_r$ . Bien que la méthode ne puisse fonctionner que si le système radiographique est biplan, celle-ci est présentée dans un contexte mono-plan afin d'alléger les notations. Les étapes de la méthodes des contraintes projectives sont ici résumées :

- (1) La transformation  $T$  à calculer étant rigide, elle préserve les distances et les orientations des voxels les uns par rapport aux autres. De ce fait, la pose des données tomographiques 3D peut être décrite par un faible nombre de voxels. Le premier sous groupe  $\mathbf{G}_a$  défini dans les données tomographiques à leur pose actuelle est ainsi composé de trois points formant un triangle  $T$ , cf. figure 2.2.
- (2) Les trois pixels caractéristiques 2D associés aux sommets 3D du triangle  $T$  sont établis de façon manuelle dans l'angiographie. Les rayons retro-projetés à partir de ces pixels forment alors une pyramide  $P_r$ . Ainsi, le calcul des positions des trois points du second groupe  $\mathbf{G}_r$  revient à simplement estimer la position du triangle  $T$  dans la pyramide  $P_r$ .
- (3) La position des points de  $\mathbf{G}_r$  est déterminée grâce à la méthode des contraintes projectives. Les deux ensembles  $\mathbf{G}_a$  et  $\mathbf{G}_r$  définis, la transformation rigide  $T$  entre eux est enfin calculée par la méthode de Arun *et al.* (1987).

Concernant les hypothèses, les contraintes projectives demandent de connaître les poses des sources ( $S_1, S_2$ ) et des plans de projection ( $P_1, P_2$ ). Il en est de même pour les matrices de projection, le système d'acquisition C-Arm étant supposé calibré et les distorsions corrigées.

#### 2.2.1.1 Définition du système d'équations coniques

Le calcul de la position du triangle  $T$  dans la pyramide  $P_r$  est représenté par un système de trois équations non-linéaires à trois inconnues. Dans la suite du texte, tous les vecteurs sont définis par rapport au repère absolue  $\mathcal{R}_a$  du système C-Arm, cf. section 2.1. Soient ( $\mathbf{s}_1, \mathbf{s}_2, \mathbf{s}_3$ ) les points de  $\mathbf{G}_a$ , sommets du triangle  $T$  défini dans la pyramide  $P_a$  et ( $\mathbf{p}_1, \mathbf{p}_2, \mathbf{p}_3$ ) les sommets du triangle de base de  $P_r$ . Le point  $\mathbf{p}_0$  indique la position de la source. Les contraintes sur



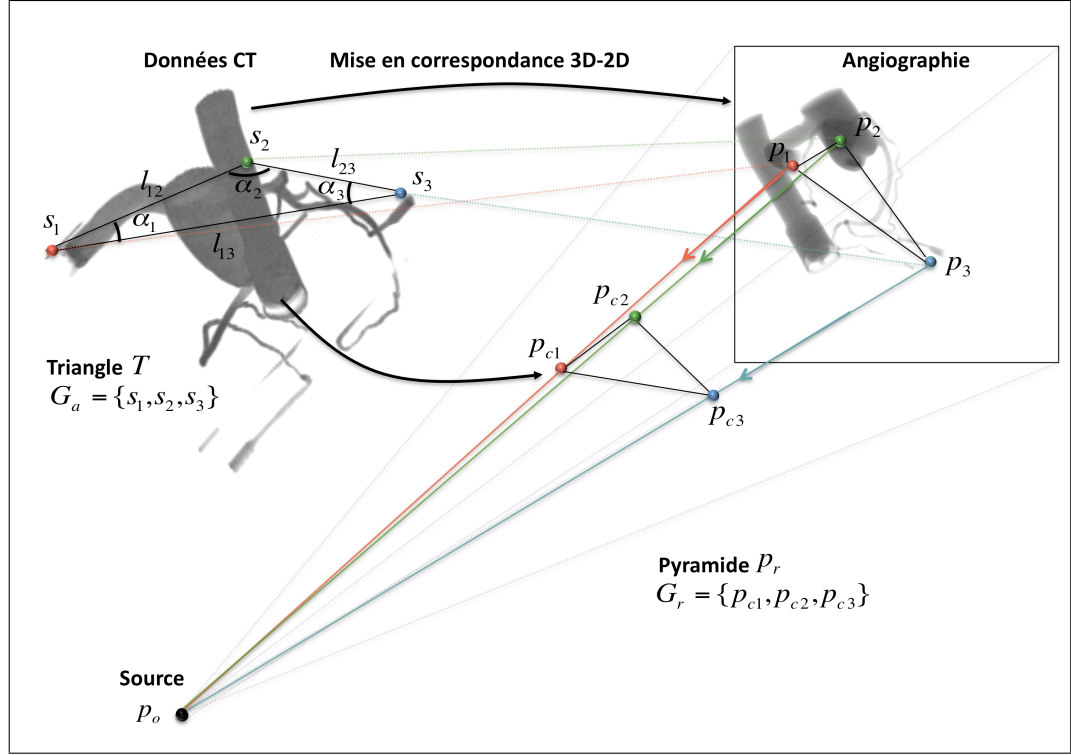


Figure 2.2 Étapes du recalage semi-automatique par contraintes projectives

la géométrie du triangle  $T$ , notées  $\{b_i, i \in [1, 2, 3]\}$ , sont définies par le système (2.2). Les paramètres  $\{l_{ij}, (i, j) \in [1, 2, 3]^2, i \neq j\}$  sont les longueurs de  $T$  et  $\{\alpha_i, i \in [1, 2, 3]\}$  ses angles.

$$\begin{cases} b_1 = \|\overrightarrow{s_1 s_2}\| \cdot \|\overrightarrow{s_1 s_3}\| = l_{12} \cdot l_{13} \cdot \cos(\alpha_1) \\ b_2 = \|\overrightarrow{s_2 s_1}\| \cdot \|\overrightarrow{s_2 s_3}\| = l_{12} \cdot l_{23} \cdot \cos(\alpha_2) \\ b_3 = \|\overrightarrow{s_3 s_1}\| \cdot \|\overrightarrow{s_3 s_2}\| = l_{13} \cdot l_{23} \cdot \cos(\alpha_3) \end{cases} \quad (2.2)$$

Les points courants le long des rayons rétro-projetés, côtés de la pyramide  $P_r$ , sont notés  $(p_{c1}, p_{c2}, p_{c3})$ . Soient  $\{(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) \in [0, 1]^3\}$  les scalaires qui paramètrent les points  $(p_{c1}, p_{c2}, p_{c3})$  le long de leur segment  $(\overrightarrow{p_1 p_o}, \overrightarrow{p_2 p_o}, \overrightarrow{p_3 p_o})$  respectif.

$$\begin{cases} p_{c1} = (1 - \lambda_1) \cdot p_o + \lambda_1 \cdot p_1 \\ p_{c2} = (1 - \lambda_2) \cdot p_o + \lambda_2 \cdot p_2 \\ p_{c3} = (1 - \lambda_3) \cdot p_o + \lambda_3 \cdot p_3 \end{cases} \quad (2.3)$$

Inclure le triangle  $T$  dans la pyramide  $P_r$  revient à trouver le triplet  $(\mathbf{p}_{c_1}, \mathbf{p}_{c_2}, \mathbf{p}_{c_3})$  formant le triangle dont la géométrie est la plus proche de celle de  $T$ , cf. système (2.4). Pour simplifier les calculs, la position de la source radiographique est maintenant l'origine du problème, *i.e.*  $\mathbf{p}_0 = (0, 0, 0)^\top$  et les paramètres  $\{a_{ii} = \|\mathbf{p}_i\|^2, i \in [1, 2, 3]\}$ ,  $\{a_{ij} = \mathbf{p}_i \cdot \mathbf{p}_j, (i, j) \in [1, 2, 3]^2, i \neq j\}$  et  $\{b_{ij} = b_i + b_j, (i, j) \in [1, 2, 3]^2, i \neq j\}$  sont introduits.

$$\begin{cases} \mathbf{p}_{c_1} \equiv \mathbf{s}_1 \\ \mathbf{p}_{c_2} \equiv \mathbf{s}_2 \\ \mathbf{p}_{c_3} \equiv \mathbf{s}_3 \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} b_{12} = a_{11} \cdot \lambda_1^2 + a_{22} \cdot \lambda_2^2 - 2 \cdot a_{12} \cdot \lambda_1 \cdot \lambda_2 \\ b_{13} = a_{11} \cdot \lambda_1^2 + a_{33} \cdot \lambda_3^2 - 2 \cdot a_{13} \cdot \lambda_1 \cdot \lambda_3 \\ b_{23} = a_{22} \cdot \lambda_2^2 + a_{33} \cdot \lambda_3^2 - 2 \cdot a_{23} \cdot \lambda_2 \cdot \lambda_3 \end{cases} \quad (2.4)$$

Le triplet  $\{(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) \in [0, 1]^3\}$  solution de ce système définit les nouvelles positions des points  $(\mathbf{p}_{c_1}, \mathbf{p}_{c_2}, \mathbf{p}_{c_3})$  de  $\mathbf{G}_r$ , sommets de  $T$  dans la pyramide  $P_r$ . Chaque équation du système (2.4) est celle d'une ellipse non dégénérée et le triplet solution permet de passer, cycliquement, d'une ellipse à l'autre. Bien qu'étant non linéaire, cette forme est intéressante car elle assure l'existence et l'unicité du triplet solution et donc des points  $(\mathbf{p}_{c_1}, \mathbf{p}_{c_2}, \mathbf{p}_{c_3})$  de  $\mathbf{G}_r$ , cf. annexe II.

### 2.2.1.2 Résolution du système d'équations

Le système étant non linéaire, aucune approche analytique ne peut être employée pour le résoudre et seule une approche numérique est pertinente. Le triplet solution étant unique, chaque paramètre  $\lambda_i$  définit alors les deux autres  $\{\lambda_j, j \neq i\}$ , cf. annexe II. En tenant compte de cette propriété, la méthode de résolution suivante est proposée. Le premier paramètre  $\lambda_1$  varie dans l'intervalle  $]0, 1[$  avec un certain pas  $l$  représentant la précision de la résolution. À chaque itération  $t$ , le nouveau coefficient  $\lambda_1^t = \lambda_1^{t-1} + l$  est calculé et les doublets  $(\lambda_2^t(\lambda_1^t), \lambda_2^{t'}(\lambda_1^t))$  et  $(\lambda_3^t(\lambda_1^t), \lambda_3^{t'}(\lambda_1^t))$  sont déterminés en fonction des deux premières équations du système (2.4). Puisque le paramètre  $\lambda_1^t$  est fixé à chaque itération, ces deux équations sont maintenant du second ordre. Les doublets  $(\lambda_2^t, \lambda_2^{t'})$  et  $(\lambda_3^t, \lambda_3^{t'})$  fonctions de  $\lambda_1^t$  sont obtenus par le calcul du discriminant  $\Delta$  de ces équations, cf. systèmes (2.5).

$$\begin{cases} \Delta_2 = (\lambda_1^t)^2 \cdot (a_{12}^2 - a_{11} \cdot a_{22}) + a_{22} \cdot b_{12} \\ \lambda_2^t(\lambda_1^t) = \frac{a_{12} \cdot \lambda_1^t - \sqrt{\Delta_2}}{a_{22}} \\ \lambda_2^{t'}(\lambda_1^t) = \frac{a_{12} \cdot \lambda_1^t + \sqrt{\Delta_2}}{a_{22}} \end{cases} \quad \begin{cases} \Delta_3 = (\lambda_1^t)^2 \cdot (a_{13}^2 - a_{11} \cdot a_{33}) + a_{33} \cdot b_{12} \\ \lambda_3^t(\lambda_1^t) = \frac{a_{13} \cdot \lambda_1^t - \sqrt{\Delta_3}}{a_{33}} \\ \lambda_3^{t'}(\lambda_1^t) = \frac{a_{13} \cdot \lambda_1^t + \sqrt{\Delta_3}}{a_{33}} \end{cases} \quad (2.5)$$

Si les  $\lambda$  solutions ne sont pas compris dans l'intervalle  $]0, 1[$ , ils sont rejetés. Les erreurs  $(e_{\lambda_2.\lambda_3}^t, e_{\lambda_2.\lambda_3'}^t, e_{\lambda_2'.\lambda_3}^t, e_{\lambda_2'.\lambda_3'}^t)(\lambda_1^t)$  entre les doublets  $(\lambda_2^t(\lambda_1^t), \lambda_2^{t'}(\lambda_1^t))$  et  $(\lambda_3^t(\lambda_1^t), \lambda_3^{t'}(\lambda_1^t))$  sont calculées via les 2 dernières équations du système (2.4) et selon le modèle de l'équation (2.6).

$$e_{\lambda_2.\lambda_3}^t(\lambda_1^t) = b_{23} - (a_{22} \cdot (\lambda_2^t(\lambda_1^t))^2 + a_{33} \cdot (\lambda_3^t(\lambda_1^t))^2 - 2 \cdot a_{23} \cdot \lambda_2^t(\lambda_1^t) \cdot \lambda_3^t(\lambda_1^t)) \quad (2.6)$$

Puisque le triplet solution, noté  $(\lambda_{s1}, \lambda_{s2}, \lambda_{s3})$ , est unique (cf. annexe II), celui qui minimise l'erreur est solution au problème. L'erreur minimum parmi  $(e_{\lambda_2.\lambda_3}^t, e_{\lambda_2.\lambda_3'}^t, e_{\lambda_2'.\lambda_3}^t, e_{\lambda_2'.\lambda_3'}^t)(\lambda_1^t)$  est alors comparée, à chaque itération  $t$ , à celle obtenue à l'itération précédente  $e_{Best}$  et est conservée si elle est plus faible. Enfin, les sommets du triangle T dans la pyramide  $P_r$ , *i.e.* les points de l'ensemble  $\mathbf{G}_r$ , sont calculés grâce aux équations du système (2.3).

---

**Algorithme 1** Résolution des contraintes projectives

---

**entrées :**  $t = 0$   $\lambda_1^0 = 0$   $e_{Best} = 1000$   
**sorties :**  $(\lambda_{s1}, \lambda_{s2}, \lambda_{s3})$   
**tant que**  $\lambda_1^t < 1$  **faire**  
   $t++$      $\lambda_1^t = \lambda_1^{t-1} + l$   
  **calcul** des doublets solutions  $(\lambda_2^t(\lambda_1^t), \lambda_2^{t'}(\lambda_1^t))$  et  $(\lambda_3^t(\lambda_1^t), \lambda_3^{t'}(\lambda_1^t))$  : équations (2.5)  
  **calcul** des erreurs  $(e_{\lambda_2.\lambda_3}^t, e_{\lambda_2.\lambda_3'}^t, e_{\lambda_2'.\lambda_3}^t, e_{\lambda_2'.\lambda_3'}^t)(\lambda_1^t)$  : équations (2.6)  
  **si**  $(e_{\lambda_2.\lambda_3}^t < e_{Best})$  **alors**  
     $\lambda_{s2} = \lambda_2^t(\lambda_1^t)$      $\lambda_{s3} = \lambda_3^t(\lambda_1^t)$      $\lambda_{s1} = \lambda_1^t$      $e_{Best} = e_{\lambda_2.\lambda_3}^t(\lambda_1^t)$   
  **si**  $(e_{\lambda_2.\lambda_3'}^t < e_{Best})$  **alors**  
     $\lambda_{s2} = \lambda_2^{t'}(\lambda_1^t)$      $\lambda_{s3} = \lambda_3^t(\lambda_1^t)$      $\lambda_{s1} = \lambda_1^t$      $e_{Best} = e_{\lambda_2.\lambda_3'}^t(\lambda_1^t)$   
  **si**  $(e_{\lambda_2'.\lambda_3}^t < e_{Best})$  **alors**  
     $\lambda_{s2} = \lambda_2^t(\lambda_1^t)$      $\lambda_{s3} = \lambda_3^{t'}(\lambda_1^t)$      $\lambda_{s1} = \lambda_1^t$      $e_{Best} = e_{\lambda_2'.\lambda_3}^t(\lambda_1^t)$   
  **si**  $(e_{\lambda_2'.\lambda_3'}^t < e_{Best})$  **alors**  
     $\lambda_{s2} = \lambda_2^{t'}(\lambda_1^t)$      $\lambda_{s3} = \lambda_3^{t'}(\lambda_1^t)$      $\lambda_{s1} = \lambda_1^t$      $e_{Best} = e_{\lambda_2'.\lambda_3'}^t(\lambda_1^t)$   
**fintantque**  
**retourne**  $(\lambda_{s1}, \lambda_{s2}, \lambda_{s3})$

---

### 2.2.2 Alignement des données tomographiques

Ayant défini les deux groupes de points de correspondance 3D-3D  $\mathbf{G}_a : (\mathbf{s}_1, \mathbf{s}_2, \mathbf{s}_3)$  et  $\mathbf{G}_r : (\mathbf{p}_{c1}, \mathbf{p}_{c1}, \mathbf{p}_{c3})$  à partir des mises en correspondance 3D-2D, la transformation rigide  $T$  entre ceux-ci est estimée par la méthode de Arun *et al.* (1987).

#### 2.2.2.1 Calcul de la transformation 3D

Soient  $\{ (\mathbf{s}_i, \mathbf{p}_{c_i}) \in [1..n] \}$  les deux groupes de points 3D correspondants, avec  $n$  le nombre de correspondances.  $(R, \mathbf{t})$  sont respectivement la matrice de rotation et le vecteur de translation de la transformation rigide  $T$  recherchée. L'erreur  $e$  à minimiser est définie par l'équation (2.7).

$$T = \begin{pmatrix} R & \mathbf{t} \\ \mathbf{O}_3^\top & 1 \end{pmatrix} \quad e = \sum_{i=1}^n (\|\mathbf{p}_{c_i} - (R \cdot \mathbf{s}_i + \mathbf{t})\|)^2 \quad (2.7)$$

Une fois alignés, les deux ensembles de points  $(\mathbf{s}_i, \mathbf{p}_{c_i})$  ont le même barycentre (Eggert *et al.* (1997)). Cette contrainte permet de calculer, dans un premier temps, la matrice de rotation  $R$  puis, dans un second temps, la translation  $\mathbf{t}$ . Soient  $(\tilde{\mathbf{s}}, \tilde{\mathbf{p}}_c)$  les moyennes des ensembles de points  $(\mathbf{s}_i, \mathbf{p}_{c_i})$  et  $(\tilde{\mathbf{s}}_i, \tilde{\mathbf{p}}_{c_i})$  les points auxquels leur moyenne est soustraite. L'équation (2.7) peut alors être réécrite pour donner l'équation (2.8) qui définit le problème de Procrustre orthogonal 3D (Schonemann (1966)).

$$\tilde{\mathbf{p}}_c = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbf{p}_{c_i} \quad \tilde{\mathbf{p}}_{c_i} = \mathbf{p}_{c_i} - \tilde{\mathbf{p}}_c \quad e = \sum_{i=1}^n (\tilde{\mathbf{p}}_{c_i}^\top \cdot \tilde{\mathbf{p}}_{c_i} + \tilde{\mathbf{s}}_i^\top \cdot \tilde{\mathbf{s}}_i - 2 \cdot \tilde{\mathbf{p}}_{c_i}^\top \cdot R \cdot \tilde{\mathbf{s}}_i) \quad (2.8)$$

L'équation (2.8) est minimale si son dernier terme est maximal, ce qui est équivalent à maximiser la trace de la matrice  $R \cdot H$  (Arun *et al.* (1987)). Pour calculer la rotation  $R$  et la translation  $\mathbf{t}$ , il ne reste plus qu'à décomposer la matrice  $H$  en valeur singulière  $U \cdot L \cdot V^\top$ , cf. équation (2.9).

$$H = \sum_{i=1}^n \tilde{\mathbf{s}}_i \cdot \tilde{\mathbf{p}}_{c_i}^\top \quad H = U \cdot L \cdot V^\top \quad R = V \cdot U^\top \quad \mathbf{t} = \tilde{\mathbf{p}}_c - R \cdot \tilde{\mathbf{s}} \quad (2.9)$$

Néanmoins, Eggert *et al.* (1997) indiquent qu'il faut définir au moins quatre correspondances 3D-3D pour que la transformation estimée ne soit pas biaisée. De plus, il est préférable que les points 3D n'appartiennent pas tous au même plan car cela augmente le risque de calculer une réflexion au lieu d'une rotation. De ce fait, utiliser un unique triangle  $T$  donc trois points pour estimer la transformation rigide  $T$  est insuffisant, de plus que ceux-ci sont coplanaires. Pour augmenter le nombre de points et former des groupes  $(\mathbf{G}_a, \mathbf{G}_r)$  non coplanaires, deux stratégies sont employées :

- (1) **Augmenter le nombre de couples triangle-pyramide** : Le nombre  $n_t$  de triangles formés par un ensemble de  $n_p \geq 3$  points est donné par l'équation (2.10). Si  $\mathbf{G}_a$  est constitué non plus de trois mais de quatre points, non plus un couple *triangle*  $T$  - *pyramide*  $P_r$  mais quatre peuvent être définis. Les triangles ayant des sommets différents, l'ensemble de points 3D  $\mathbf{G}_a$  qu'ils forment est de plus non-plan.

$$n_t = \frac{n_p!}{3!(n_p - 3)!} \quad 0! = 1 \quad (2.10)$$

- (2) **Augmenter le nombre de points 3D par triangle** : À partir des trois sommets d'un triangle, les positions de son barycentre et des milieux de ses côtés peuvent être évaluées, ce qui définit au total sept points. De plus, ces quatre nouveaux points forment eux-mêmes les sommets de triangles inclus dans le premier. Ce procédé peut être réitéré pour rapidement créer un grand nombre de points mais qui sont, cependant, tous coplanaires.

### 2.2.2.2 Nécessité d'une seconde vue

Dans leur étude portant sur l'estimation de la profondeur de données tomographiques à partir d'angiographies basées sur des caractéristiques géométriques, Papalazarou *et al.* (2009) indiquent qu'au minimum deux vues radiographiques sont nécessaires pour que l'alignement soit précis. La méthode de recalage des contraintes projectives n'échappe pas à cette contrainte et n'est pas utilisable avec un système C-Arm mono-plan. Ceci est dû au fait que, la distance  $SID$  entre la source radiographique et le plan de projection étant très grande par rapport aux dimensions du plan de projection, la pyramide  $P_r$  est très allongée. Si la mise en correspon-

dance 3D-2D entre les sommets du triangle  $T$  et les pixels sur l'angiographie formant la base de la pyramide  $P_r$  est mauvaise, la forme longiligne de la pyramide tend à amplifier l'erreur commise. De plus, le triplet  $(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3)$  paramétrisant les sommets du triangle  $T$  dans la pyramide  $P_r$  varie dans l'intervalle  $]0, 1[$ , cf. équation (2.2). Une petite variation d'un paramètre  $\lambda_i$  entraîne un grand déplacement du point  $\mathbf{p}_{c_i}$  le long du rayon  $\overrightarrow{\mathbf{p}_i \mathbf{p}_0}$  associé. Le problème ainsi formulé est donc numériquement mal conditionné et les positions calculées des sommets du triangle  $T$  dans la pyramide  $P_r$  sont biaisées.

Cependant, les erreurs sur la position des sommets estimés de  $T$  dans la pyramide  $P_r$  ont la particularité de se répercuter en majorité dans la direction de l'axe optique. Grâce au changement de repères défini à la section 2.3.3.1, les coordonnées des vecteurs peuvent être exprimées non plus dans le repère de référence du C-Arm  $\mathcal{R}_a$  mais dans le repère du plan de projection  $\mathcal{R}_p$ , cf. figure 2.1. Dans cette géométrie, l'axe optique est alors confondu avec l'axe  $\vec{z}$  du repère  $\mathcal{R}_p$ . L'erreur sur la position des sommets de  $T$  étant principalement portée par la dernière coordonnée d'axe  $\vec{z}$ , les deux premières coordonnées des positions selon les axes  $(\vec{x}, \vec{y})$  de  $\mathcal{R}_p$  sont donc correctement estimées. Ainsi, ce changement de repère permet d'évaluer avec confiance l'orientation du triangle  $T$  dans la pyramide  $P_r$  même si sa profondeur reste encore inconnue. Compte tenu des remarques précédentes, l'ajout d'une seconde vue permet d'estimer avec une plus grande confiance la position des sommets du triangle  $T$ . Placée perpendiculairement à la première vue de telle sorte que son axe optique soit confondu avec l'axe  $\vec{x}$  ou  $\vec{y}$  du repère  $\mathcal{R}_p$ , elle permet d'évaluer la dernière coordonnée selon l'axe  $\vec{z}$  du repère  $\mathcal{R}_p$  des sommets du triangle  $T$  dans la pyramide  $P_r$ . Néanmoins, cette solution est peu élégante. De plus, elle contraint fortement la géométrie du système d'acquisition radiographique C-Arm, le second plan de projection devant toujours être placé perpendiculairement au premier.

### 2.3 Recalage rigide 3D-2D par intensité des données tomographiques

Après avoir défini la méthode d'initialisation de l'alignement, les éléments de la méthode de recalage par intensité, à savoir : la création d'angiographies synthétiques, les mesures de similarité et les algorithmes d'optimisation utilisés sont présentés dans cette section. Dans la méthode

de recalage par intensité, la matrice de la transformation rigide  $T$  qui permet d'aligner les données tomographiques par rapport aux angiographies est estimée par un procédé d'optimisation itératif. À chaque itération, la transformation  $T$  est altérée et la nouvelle pose 3D des données tomographiques est validée en comparant grâce aux mesures de similarité les DRRs générées aux angiographies intra-opératoires réelles. Les mesures de similarités forment les fonctions objectives guidant les algorithmes qui tentent, quant à eux, de les rendre optimales.

### 2.3.1 Simulation des angiographies synthétiques

Le procédé radiographique est issu de la théorie physique de l'atténuation ou de l'absorption des rayons X par les différents tissus du corps humain qu'ils traversent, ici l'aorte et les MAP-CAs. Créer des angiographies synthétiques demande donc de simuler ce procédé. Ceci est possible grâce aux données tomographiques 3D dont l'intensité des voxels ne quantifie pas un signal lumineux mais, à la place, l'absorption des rayons X par les tissus acquis. En calculant la trajectoire d'un rayon émis par la source radiographique se projetant sur un pixel, il est possible de déterminer les voxels que ce rayon rencontre et ainsi d'estimer son atténuation finale et reproduire son absorption.

#### 2.3.1.1 Théorie de l'acquisition radiographique

Comme le mentionne Ruijters *et al.* (2008), les données tomographiques étant discrètes, le modèle d'absorption défini par l'équation (2.11) l'est également. Pour un rayon donné, les  $n$  différents voxels qu'il rencontre sont indexés par la variable  $i$ . Les paramètres  $(\mu_i, l_i)$  sont respectivement le coefficient d'absorption linéaire exprimé en  $\text{mm}^{-1}$  et l'épaisseur du rayon dans le  $i$ -ième voxel. Les termes  $(I_o, I)$  font référence à l'intensité de la source radiographique et à celle du rayon après qu'il ait été absorbé.

$$I = I_o \cdot e^{-\bar{\mu} \cdot \bar{l}} \quad \bar{\mu} \cdot \bar{l} = \sum_{i=1}^n \mu_i \cdot l_i \quad (2.11)$$

Les coefficients d'absorption  $\mu_i$  sont calculés à partir des données tomographiques exprimées en unités d'Hounsfield. Les données tomographiques sont des entiers sur 16 bits signés ou

non. Dans le cas où les entiers sont signés, les intensités sont comprises dans l'intervalle  $[-1000, 3000]$  et dans  $[0, 4000]$  sinon, cf. équation (2.12). Le coefficient  $\mu_{eau}$  décrit l'absorption de l'eau. C'est un seuil qui permet de séparer les tissus en deux types. Si  $\mu_i < \mu_{eau}$ , alors le tissu appartient à la classe [air -eau], sinon à la classe [eau-os] (Metz (2005)). Par rapport à l'image, cette variable influe sur le contraste.

$$H_i = \frac{\mu_i - \mu_{eau}}{\mu_{eau}} \cdot 1000 \quad H_i = \frac{\mu_i}{\mu_{eau}} \cdot 1000 \quad (2.12)$$

Enfin, bien que les systèmes d'imagerie radiographique et tomographique reposent tous deux sur le même procédé physique, les modalités d'acquisition et en particulier l'énergie de la source radiographique sont différentes. Pour normaliser l'énergie des données tomographiques, les coefficients d'absorption sont pondérés par la variable  $\varepsilon$  :  $\mu'_i = \varepsilon \cdot \mu_i$ . Cette pondération influe sur l'intensité globale de l'image radiographique générée.

Soit  $\mathbf{P} = (X, Y, Z, 1)^\top$  un voxel des données tomographiques 3D défini dans le repère de référence  $\mathcal{R}_a$ . La projection du voxel  $\mathbf{P}$  sur le pixel  $\mathbf{p} = (\lambda x, \lambda y, \lambda)^\top$  du plan de projection est simulée par un modèle perspectif *pinhole* parfait, cf. équation (2.13). D'après Mitschke et Navab (2000), le modèle de projection perspective *pinhole* est celui qui se rapproche le plus de la projection radiographique des systèmes d'acquisition C-Arm. Enfin, la projection est supposée parfaite, c'est à dire que les distorsions de l'image principalement dues à l'influence du champ magnétique terrestre sur la trajectoire des photons X sont supposées corrigées (Salvi *et al.* (2002) et Lv *et al.* (2009)).

$$\mathbf{p} = F \cdot K_{int} \cdot K_{ext} \cdot \mathbf{P} \quad (2.13)$$

$$K_{int} = \begin{pmatrix} \alpha_i & 0 & c_i & 0 \\ 0 & \alpha_j & c_j & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix} \quad K_{ext} = \begin{pmatrix} R_s^\top & -\mathbf{t}_s \\ \mathbf{O}_3^\top & 1 \end{pmatrix} \quad F = \begin{pmatrix} f_1 & 0 & 0 \\ 0 & f_2 & 0 \\ 0 & 0 & f_3 \end{pmatrix}$$



- $K_{ext}$  est la matrice des paramètres extrinsèques de projection. Elle permet d'exprimer les coordonnées  $\mathbf{P}$  des voxels des données tomographiques 3D du point de vue de la source de projection et ceci quelle que soit sa pose. La matrice  $R_s$  et le vecteur  $\mathbf{t}_s$  sont respectivement la matrice de rotation et le vecteur translation de la transformation de la source  $T_s$ , cf. section 2.1.
- $K_{int}$  est la matrice des paramètres intrinsèques de projection. Elle décrit comment un voxel 3D, défini par rapport au repère  $\mathcal{R}_s$  de la source, est projeté sur le plan de projection. Le couple  $(c_i, c_j)$  est le point principal, *i.e.* le centre de l'image en pixels dans le repère  $(\vec{i}, \vec{j})$ , en gris dans la figure 2.1. C'est l'intersection de l'axe optique avec le plan de projection. Les paramètres  $(\alpha_i = -\frac{SID}{ps_i}, \alpha_j = -\frac{SID}{ps_j})$  sont les distances focales selon les axes  $(\vec{i}, \vec{j})$ .  $SID$  est la distance focale principale et enfin,  $(ps_i, ps_j)$  la taille des pixels en millimètres selon les axes  $(\vec{i}, \vec{j})$  du repère image. Les pixels étant en général carrées,  $ps_i = ps_j$ .
- $F$  est une matrice de changement d'axe. Elle permet d'inverser les coordonnées des pixels exprimées dans le repère  $\mathcal{R}_p$  pour les faire correspondre au repère 2D de l'image  $(\vec{i}, \vec{j})$ , en gris dans la figure 2.1.

Enfin, pour calculer la position du pixel  $\mathbf{p}^E$ , *i.e.* les coordonnées en pixels dans le repère  $(\vec{i}, \vec{j})$  du point  $\mathbf{p}$ , il faut le normaliser par le coefficient  $\lambda$ , ne conserver que les deux premières coordonnées puis les arrondir, cf. équation (2.14). Différentes fonctions peuvent être employées comme l'arrondi à droite, celui à gauche ou celui central. Dans la méthode de projection implémentée, l'arrondi central a été retenue car il limite les erreurs de troncation.

$$\bar{\mathbf{p}} = \frac{1}{\lambda} \mathbf{p} \quad \mathbf{p}^E = \text{round}(\bar{\mathbf{p}}) \quad (2.14)$$

### 2.3.1.2 Simulation des angiographies par projection de voxels

La technique de simulation d'angiographies par projection de voxels vibrants de Birkfellner *et al.* (2005) exploite pleinement le modèle de projection perspective décrit à la section précédente 2.3.1.1. Le calcul d'une DRR par projection de voxels comporte 4 étapes :

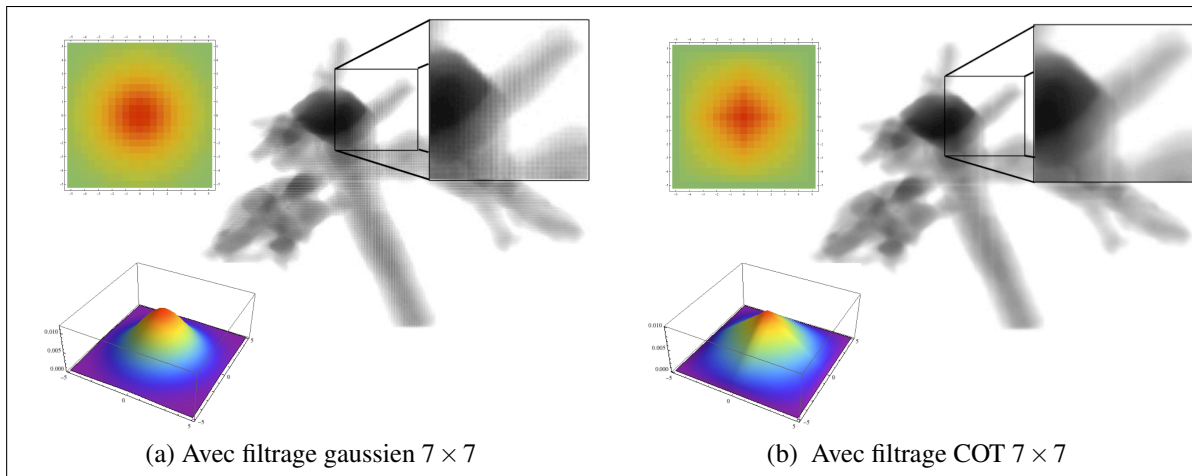


Figure 2.3 Comparaison du filtre gaussien et du filtre COT de Cosman (2000) pour générer les DRRs

- (1) D'abord, il faut estimer la somme des absorptions  $\mu_i \cdot l_i$  des voxels le long des rayons partant de chaque pixel, *i.e.* le coefficient  $\bar{\mu} \cdot \bar{l}$ , cf. équation (2.11). Pour cela, chaque voxel  $i$  est projeté sur le pixel associé grâce à l'équation (2.13) et leur intensité, *i.e.* les coefficients d'absorption, cumulée.
- (2) L'image alors créée est appelée la carte d'absorption. C'est à ce niveau que les traitements anti-artéfacts et de lissage se montrent les plus performants.
- (3) Ensuite, la DRR est calculée en multipliant l'intensité des pixels de la carte d'absorption par la fonction exponentielle décroissante. L'intensité des pixels de l'image créée est alors comprise entre  $[0, 1]$ .
- (4) Enfin, pour former l'angiographie synthétique, il ne reste qu'à convertir l'intensité des pixels en la multipliant par l'intensité initiale  $I_o$  de la source. Les angiographies employées au CHU Sainte-Justine sont des images 8 bits. De ce fait, l'intensité de la source  $I_o$  est égale à 255 de telle sorte qu'un pixel sur lequel aucun pixel n'est projeté est blanc.

Le problème majeur des algorithmes de projection de voxels est la formation de lignes blanches sur l'image qui, en plus de diminuer leur qualité visuelle, peuvent altérer le calcul de leur similarité. Ces artéfacts proviennent de la discrétisation de la projection perspective. Les coordonnées des pixels 2D sur lesquels les voxels 3D sont projetés sont arrondies pour les faire

correspondre à des coordonnées entières, cf. équation (2.14). Il est probable que certains pixels ne soient jamais atteints et ce quelle que soit la fonction d'arrondi choisie. Ce phénomène est particulièrement fort quand les repères propres de l'objet 3D  $\mathcal{R}_v$  et de la source  $\mathcal{R}_s$  sont alignés, cf. figure 2.1. Pour diminuer le phénomène de discrétisation, Birkfellner *et al.* (2005) font aléatoirement vibrer les voxels des données tomographiques 3D et les pixels du plan de projection. Ainsi, la probabilité que tous les pixels soient atteints augmente. L'amplitude de la vibration suit une distribution normale centrée d'écart type  $\sigma$  calculé comme la moyenne des dimensions  $(h, w, d)$  d'un voxel dans les 3 directions de l'espace  $(\vec{x}, \vec{y}, \vec{z})$ , cf. équation (2.15). Les voxels et les pixels  $(\mathbf{P}, \mathbf{p})$ , altérés par les vibrations  $(\tilde{\mathbf{V}}, \tilde{\mathbf{v}})$ , forment les éléments  $(\tilde{\mathbf{P}}$  et  $\tilde{\mathbf{p}})$ .

$$\sigma = \frac{h + w + d}{3} \quad \tilde{\mathbf{P}} = \mathbf{P} + \tilde{\mathbf{V}} \quad \tilde{\mathbf{p}} = \mathbf{p} + \tilde{\mathbf{v}} \quad (2.15)$$

Bien qu'efficace, cette technique pose l'inconvénient de bruite l'image par un flou engendré par les vibrations gaussiennes. Pour lisser l'image, Birkfellner *et al.* (2005) appliquent un filtrage gaussien. Néanmoins, celui-ci n'est pas optimal et des lignes blanches restent présentes sur les DRRs générées à partir des données tomographiques de l'étude, cf. figure 2.3a. Pour rapprocher la qualité des DRRs de celles créées par une technique de tracé de rayons, le filtre gaussien est remplacé par le filtre COT de Cosman (2000). Ce noyau 2D est formé par la convolution de deux noyaux triangulaires 1D orthogonaux. Bien qu'étant comme le noyau gaussien un filtre passe-bas, il correspond à une interpolation bilinéaire sur les pixels de l'image qui semble adapté au traitement des artéfacts et du bruit des vibrations. Dans son étude, Cosman (2000) précise même qu'en réalité, l'interpolation se rapproche grossièrement d'une interpolation trilinéaire des données tomographiques volumétriques. Aussi, sous certaines orientations des données tomographiques par rapport à la source radiographique, le lissage COT des pixels 2D peut être parfaitement équivalent à une interpolation trilinéaire des voxels 3D. Néanmoins, le filtre COT peut, à la différence du noyau gaussien, provoquer des artéfacts de crénelage s'il est mal dimensionné. Afin que le traitement soit efficace, la dimension du noyau COT doit en moyenne être égale à celle des taches formées par la projection des huit sommets des voxels des données tomographiques. La dimension du filtre peut également être approchée par celle

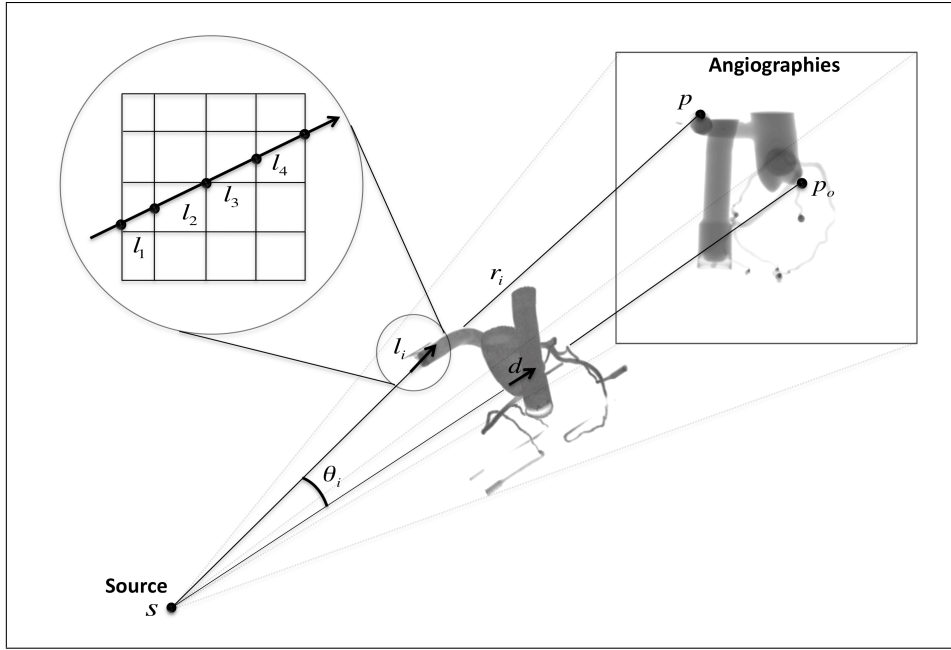


Figure 2.4 Estimation des épaisseurs des voxels projetés pour la création de DRRs

de la tache de la projection des huit sommets d'un voxel présent le long de l'axe optique, ce qui est fait dans la méthode proposée. Le noyau étant voulu carré, sa taille est définie comme étant la distance maximale entre les projections 2D des huit sommets 3D.

Outre les artéfacts, la différence de qualité comme de temps de calcul entre les angiographies simulées par des techniques de tracé de rayons et celles par projection de voxels provient également du fait que dans les premières, les épaisseurs exactes  $l_i$  des rayons dans chacun des voxels qu'ils rencontrent sont calculées (Zollei (2001)). Dans leur étude, Birkfellner *et al.* (2005) ne les calculent pas (cf. équation (2.11)) et les supposent implicitement égaux à l'unité. Afin d'estimer ces épaisseurs, la technique suivante est proposée. Pour un voxel  $\mathbf{P}_i$  se projetant sur un pixel  $\mathbf{p}$ , la longueur  $l_i$  du rayon  $\mathbf{r}$  qui traverse le voxel  $\mathbf{P}_i$  est grossièrement approchée en projetant la profondeur  $d$  du voxel  $\mathbf{P}_o$  au centre de l'axe optique  $\mathbf{r}_o$  sur le rayon  $\mathbf{r}$ , cf figure 2.4. Il faut ici faire attention car les coordonnées des pixels ne sont plus exprimées, comme dans la section 2.3.1.1 dans le repère image  $(\vec{i}, \vec{j})$  de l'angiographie, mais dans celui  $(\vec{x}, \vec{y}, \vec{z})$  du plan de projection principale  $\mathcal{R}_p$ . Ce sont donc des points 3D placés sur le même plan dans l'espace. Dans ces termes, la longueur  $l_i$  est calculée par l'équation (2.16) où  $\theta_i$  est l'angle entre l'axe

optique  $\mathbf{r}_0 = \vec{\mathbf{p}_0}\mathbf{s}$  et le rayon  $\mathbf{r} = \vec{\mathbf{p}}\mathbf{s}$ . Le point  $\mathbf{s}$  est le centre de la source radiographique.

$$l_i = d \cdot \cos(\theta_i) \quad \cos(\theta_i) = \frac{\vec{\mathbf{p}_0}\mathbf{s} \cdot \vec{\mathbf{p}}\mathbf{s}}{\|\vec{\mathbf{p}_0}\mathbf{s}\| \cdot \|\vec{\mathbf{p}}\mathbf{s}\|} \quad (2.16)$$

Néanmoins, cette approximation reste grossière car à la différence de la méthode de tracé de rayons développée par Siddon (1985), toutes les épaisseurs  $l_i$  du rayon  $\mathbf{r}$  dans les voxels qu'il traverse sont égales. L'agrandissement dans la figure 2.4 représente en 2D une série de plans de coupe pour illustrer le problème. Alors que les épaisseurs  $(l_1, l_2, l_3, l_4)$  sont normalement différentes, elles sont toutes approchées par une même épaisseur moyenne dans la technique de création d'angiographies synthétiques proposée.

### 2.3.2 Mesure de la similarité entre deux angiographies

Dans la suite du texte, les termes  $(I_{DRR}, I_{Ang})$  réfèrent aux angiographies synthétiques et réelles. Les images ont la même taille et les paramètres  $(w, h)$  sont, en pixels, leur largeur et longueur. Les mesures de similarité  $S(I_{DRR}, I_{Ang})$  quantifient la ressemblance entre les images  $(I_{DRR}, I_{Ang})$ . Ainsi, elles sont, en général, maximales si les images sont identiques alors que les algorithmes d'optimisation tentent, à contrario, de minimiser les fonctions objectives qu'elles définissent. De ce fait, les mesures normalisées sont préférées car elles possèdent un maximum théorique  $S_{max}$  et peuvent donc être adaptées aux algorithmes en utilisant ce maximum comme référence. Les mesures finales  $O(I_{DRR}, I_{Ang})$  sont définies par l'équation (2.17). Dans le cas du recalage biplan, la fonction objective  $O$  est définie comme la moyenne des mesures de chaque plan  $(P_1, P_2)$ .

$$O(I_{DRR}, I_{Ang}) = S_{max} - S(I_{DRR}, I_{Ang}) \quad O = S_{max} - \frac{S_{P_1} + S_{P_2}}{2} \quad (2.17)$$

Trois mesures de similarité : la différence des gradients  $GD$  de Penney *et al.* (1998), l'information mutuelle normalisée  $NMI$  et le coefficient de corrélation entropique  $ECC$  sont employées afin de savoir laquelle est la mieux adaptée au recalage par intensité de structures vasculaires pédiatriques. En particulier, cela va permettre de déterminer pour les mesures quelle représen-

tation, celle exploitant le gradient de l'image ou celle issues de la théorie de l'information de Shannon (1948), est les plus pertinentes avec les données tomographiques de l'étude.

### 2.3.2.1 Mesure basée sur l'information spatiale

La différence des gradients  $GD$  de Penney *et al.* (1998) exploite en plus de l'intensité des pixels, les relations spatiales entre les images. Pour cela, les gradient spatiaux  $(\frac{dI}{di}, \frac{dI}{dj})$  selon les axes  $(\vec{i}, \vec{j})$  de l'image sont exploités. L'image de la différence des gradients  $(I_{di}, I_{dj})$  selon les deux axes  $(\vec{i}, \vec{j})$  est calculée avec un facteur d'échelle  $s$  qui permet d'ajuster son intensité, cf. équation 2.18. En pratique, Penney *et al.* (1998) indiquent que le paramètre  $s$  doit être choisi de telle sorte que le contraste de l'image de la différence des gradients soit le plus faible. Il faut donc prendre  $p$  tel que les gradients  $(\frac{dI_{DRR}}{di}, \frac{dI_{Ang}}{di})$  et  $(\frac{dI_{DRR}}{dj}, \frac{dI_{Ang}}{dj})$  aient en moyenne la même intensité.

$$I_{di} = \frac{dI_{DRR}}{di} - p \cdot \frac{dI_{Ang}}{di} \quad I_{dj} = \frac{dI_{DRR}}{dj} - p \cdot \frac{dI_{Ang}}{dj} \quad (2.18)$$

La différence des gradients  $GD$  est définie par l'équation (2.19). Sa formulation en  $\frac{1}{1+x^2}$  la rend robuste aux structures fines, typiquement un cathéter dans l'image. Enfin, Penney *et al.* (1998) indiquent que cette mesure est particulièrement efficace si les coefficients  $(A_i, A_j)$  sont tous deux égaux à la variance de l'image de référence  $I_{DRR}$ .

$$GD(I_{DRR}, I_{Ang}) = \sum_{j=0}^{h-1} \sum_{i=0}^{w-1} \frac{A_i}{A_i + I_{di}(i, j)^2} + \sum_{j=0}^{h-1} \sum_{i=0}^{w-1} \frac{A_j}{A_j + I_{dj}(i, j)^2} \quad (2.19)$$

Pour normaliser la mesure, une mesure de référence  $GD_{ref}$  est calculée entre  $I_{DRR}$  et une image totalement noire, notée  $B$ . La différence des gradients normalisée  $NGD$  est donnée par l'équation (2.20).

$$NGD(I_{DRR}, I_{Ang}) = \frac{GD(I_{DRR}, I_{Ang})}{GD_{ref}(I_{DRR}, B)} \quad (2.20)$$

### 2.3.2.2 Mesures issues de la théorie de l'information

Ces mesures sont issues de la théorie de l'information de Shannon (1948) dans laquelle les images sont définies comme des sources d'informations 2D, l'information étant l'intensité des

pixels. La fonction définissant la quantité d'informations est l'entropie  $E$ , calculée via les histogrammes et l'histogramme joint des images  $(I_{DRR}, I_{Ang})$ , cf. annexe I. Aussi, plus l'information contenue dans l'image est diverse, plus l'histogramme de l'image est dense. Le fait que ces mesures de similarité exploitent les histogrammes permet de les calculer de façon automatique, aucun paramètre n'étant nécessaire. Bien que non exploitée dans la méthode, la mesure de référence pour comparer au sens statistique la similarité entre deux images est l'information mutuelle  $MI$  (Collignon *et al.* (1995)).

L'information mutuelle normalisée est comme son nom l'indique une version normalisée de la mesure  $MI$  (Studholme *et al.* (1999)). Elle est définie par l'équation (2.21) et varie dans l'intervalle  $[1, 2]$ . Si les images sont identiques, la mesure est maximale et égale à 2. Dans le cas contraire, les images sont indépendantes au sens statistique et  $\min(NMI) = 1$ .

$$NMI(I_{DRR}, I_{Ang}) = \frac{E(I_{DRR}) + E(I_{Ang})}{E(I_{DRR}, I_{Ang})} \quad (2.21)$$

Le coefficient de corrélation entropique ECC défini par Astola et Virtanen (1982) est une autre normalisation de l'information mutuelle à valeur dans l'intervalle  $[1, \sqrt{2}]$ . Si les images sont identiques, alors  $\frac{1}{NMI} = \frac{1}{2}$  et  $\max(ECC) = 1$ , sinon  $\min(ECC) = \sqrt{2}$ .

$$ECC(I_{DRR}, I_{Ang}) = \sqrt{2 \cdot \left(1 - \frac{E(I_{DRR}, I_{Ang})}{E(I_{DRR}) + E(I_{Ang})}\right)} = \sqrt{2 \cdot \left(1 - \frac{1}{NMI(I_{DRR}, I_{Ang})}\right)} \quad (2.22)$$

L'introduction de la racine carré accentue les variations de la mesure, *i.e.* l'amplitude des optima locaux et particulièrement l'optimum global. Cependant, en même temps qu'accélérer la convergence, ce comportement augmente les chances que l'algorithme d'optimisation converge vers un faux minimum local puisque leur amplitude est plus importante.

### 2.3.3 Optimisation de l'alignement des données CT

Le but des algorithmes d'optimisation est d'estimer de façon automatique la transformation rigide  $T$  permettant d'aligner les données tomographiques 3D avec les angiographies 2D. Pour cela, la transformation  $T$  est itérativement modifiée jusqu'à ce que la similarité entre les DRRs

et les angiographies soit optimale. Cependant, les algorithmes ne travaillent pas directement avec la matrice  $T$  mais avec un vecteur  $\mathbf{P}$  à partir duquel elle est construite. Même si  $T$  contient douze paramètres, trois pour les translation et neufs pour les rotations, en réalité seuls six paramètres décrivant chaque degré de liberté du problème du recalage 3D rigide sont nécessaires et suffisants, cf. section 1.2.1.

### 2.3.3.1 Paramétrage de la transformation rigide

La transformation  $T$  recherchée étant rigide, elle se compose de trois translations et de trois rotations représentées par le vecteur  $\mathbf{P}$ . Les translations selon les trois axes  $(\vec{x}, \vec{y}, \vec{z})$  sont simplement définies par leur amplitude respective  $(t_x, t_y, t_z)$ . Les rotations sont plus complexes à modéliser et différentes approches peuvent être employées (Zollei (2001)). Dans cette étude, la décomposition d'Euler est retenue car elle permet de construire simplement la rotation  $R$  à l'aide de trois paramètres seulement. Ceux-ci sont, dans la suite du texte, notés  $(r_x, r_y, r_z)$ . Ce sont les angles de rotation, autour des axes  $(\vec{x}, \vec{y}, \vec{z})$  du repère propre aux données tomographiques 3D  $\mathcal{R}_V$  (cf. figure 2.1) à partir desquels les matrices de rotation associées  $(R_x, R_y, R_z)$  sont définies.

$$T = \begin{pmatrix} R & \mathbf{t} \\ \mathbf{O}_3^T & 1 \end{pmatrix} \quad \mathbf{t} = \begin{pmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{pmatrix} \quad R = R_x \cdot R_y \cdot R_z \quad (2.23)$$

$$R_x = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & \cos(r_x) & \sin(r_x) \\ 0 & -\sin(r_x) & \cos(r_x) \end{pmatrix} \quad R_y = \begin{pmatrix} \cos(r_y) & 0 & \sin(r_y) \\ 0 & 1 & 0 \\ -\sin(r_y) & 0 & \cos(r_y) \end{pmatrix} \quad R_z = \begin{pmatrix} \cos(r_z) & \sin(r_z) & 0 \\ -\sin(r_z) & \cos(r_z) & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

Bien que la décomposition d'Euler permette de représenter la rotation avec trois paramètres seulement, elle n'assure pas l'unicité de la matrice  $R$  construite. D'une part, la matrice  $R$  dépend de l'ordre dans lequel les matrices  $(R_x, R_y, R_z)$  sont multipliées. Il faut donc porter attention à conserver la convention adoptée dans l'équation (2.23). D'autre part, si un des angles  $(r_x, r_y, r_z)$  atteint  $90^\circ$ , alors les axes de rotations s'inversent ce qui équivaut à changer l'ordre des matrices. Néanmoins, la pose initiale des données tomographiques étant supposée proche



de celle recherchée pour que les algorithmes d'optimisation convergent, l'amplitude des angles  $(r_x, r_y, r_z)$  reste toujours inférieure à  $90^\circ$  durant le recalage. Sous ces conditions, le formalisme adopté assure l'unicité de la matrice  $R$  construite. Comme il a été vu à la section 2.1, la transformation rigide  $T$  recherchée est définie de telle sorte que les translations et les rotations appliquées aux données tomographiques 3D soient selon les axes  $(\vec{x}, \vec{y}, \vec{z})$  du repère de référence du système C-Arm  $\mathcal{R}_a$ , cf. figure 2.1. Ainsi, les paramètres peuvent se distinguer en deux groupes : les translations et rotations. Ce formalisme est, dans la suite du texte, noté TR.

Puisque la pose des données tomographiques 3D est validée en comparant ses DRRs avec les angiographies réelles, il paraît pertinent de définir la transformation rigide  $T$  non plus par rapport au repère  $\mathcal{R}_a$  mais par rapport au repère de l'un des plans de projection. Par convention, la première vue en rouge dans la figure 2.1, est choisie et les données tomographiques se déplacent alors selon les axes du repère  $\mathcal{R}_p$  de ce plan de projection. Pour appliquer aux données tomographiques la transformation  $T$  définie dans  $\mathcal{R}_p$  où elle est notée  $T^p$ , celle-ci doit d'abord être convertie dans le repère  $\mathcal{R}_a$  où elle est notée  $T^a$ . Ce changement de repère est défini par l'équation (2.24). La matrice  $T_p$  décrit la pose du plan de projection et  $T_p^{-1}$  est son inverse. C'est la transformation entre le repère de référence du C-Arm  $\mathcal{R}_a$  et celui du plan de projection  $\mathcal{R}_p$ , cf. section 2.1.

$$T^a = T_p \cdot T^p \cdot T_p^{-1} \quad (2.24)$$

Lorsque la transformation rigide  $T$  est définie par rapport au repère  $\mathcal{R}_p$  du plan de projection de référence, les trois translations et les trois rotations sont, par rapport à celui-ci, soit dans le plan comme pour les translations d'axes  $(\vec{x}, \vec{y})$  et la rotation d'axe  $\vec{z}$ , soit hors du plan pour les trois autres paramètres. De ce fait, un second formalisme noté IH dans lequel les paramètres sont divisés en Intra et Hors plan est défini. Au final, trois choix sont possibles pour définir la transformation rigide  $T$ . Le premier dans le repère  $\mathcal{R}_a$  avec le formalisme TR et les deux autres dans  $\mathcal{R}_p$  avec les formalismes TR et IH.

### 2.3.3.2 Optimisation des paramètres de transformation

Les algorithmes d'optimisation présentés dans cette section convergent en faisant séquentiellement varier les six paramètres de transformation concaténées dans le vecteur  $\mathbf{P}$ . L'ordre dans lequel ils sont évalués est important car celui-ci influe sur la précision de l'alignement. Dans le cas du formalisme TR, les translations sont conventionnellement évaluées avant les rotations et  $\mathbf{P} = (t_x, t_y, t_z, r_x, r_y, r_z)^\top$ . Ce choix est justifié par le fait que la rotation ne peut être correctement estimée que si les données tomographiques 3D sont d'abord à la bonne position. Si le formalisme IH est employé, les paramètres dans le plan de projection sont évalués avant ceux hors du plan et  $\mathbf{P} = (t_x, t_y, r_z, t_z, r_x, r_y)^\top$ . Dans la suite du texte, la notation générale  $\mathbf{P} = \{ p_i, i \in [1..6] \}$  est employée, l'ordre des paramètres changeant selon le formalisme utilisé.

Parmi les algorithmes d'optimisation itératifs existants, le *Hill Climbing* est l'un des plus adaptés au recalage rigide 3D-2D par intensité. Wein (2003) montre qu'il est relativement robuste aux faux minima et s'il converge, il est très précis. Son schéma de recherche est le suivant. À chaque itération  $t$ , les paramètres  $\{ p_i^t, i \in [1..6] \}$  de la pose courante  $\mathbf{P}^t$  des données tomographiques sont altérés un à un avec un même pas  $s$  et les mesures de similarité à chaque nouvelle pose sont calculées, cf. équation (2.25). Après avoir évalué les  $2 \cdot 6 = 12$  combinaisons autour de la pose courante  $\mathbf{P}^t$ , celle minimisant le plus la fonction objective est retenue comme nouvelle pose initiale  $\mathbf{P}^{t+1}$  et la recherche réitérée. Si après une itération la meilleure pose reste inchangée, *i.e.*  $\mathbf{P}^{t+1} = \mathbf{P}^t$ , alors le pas  $s$  est décrémenté.

$$(p_i^t - s, p_i^t + s) \quad i \in [1..6] \quad (2.25)$$

Le pas de recherche  $s$  représente l'amplitude des évaluations. Plus celui-ci est grand, plus les poses 3D évaluées autour de la courante  $\mathbf{P}^t$  sont loin. Afin d'augmenter la portée de la recherche, la valeur initiale du pas  $s$ , notée  $s_{max}$ , doit être définie égale à la moitié de l'amplitude de la transformation à retrouver. Lorsque  $s$  atteint un pas minimum  $s_{min}$  la recherche s'arrête. Le minimum  $s_{min}$  définit quant à lui l'amplitude maximale tolérée des erreurs autour des 6 paramètres du recalage, soit encore la précision de l'alignement. Outre sa simplicité, le schéma

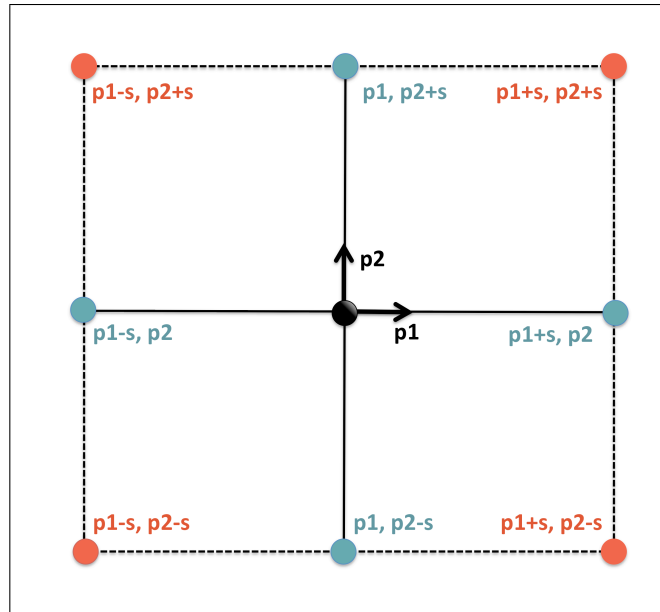


Figure 2.5 Comparaison 2D des schémas de recherche du *Hill Climbing* (points bleus) et du *Dense Hill Climbing* (points bleus et rouges)

de recherche du *Hill Climbing* présente un autre avantage. La meilleure pose dans un voisinage donnée étant estimée en faisant varier les paramètres un à un, plus la mesure de similarité se comporte bien pour chacun des paramètres, plus les chances que l'algorithme converge sont grandes.

Compte tenu de son schéma de recherche, l'algorithme *Hill Climbing* ne considère néanmoins pas toutes les combinaisons possibles entre les paramètres  $p_i^t$ . Pour une pose  $\mathbf{P}^t$  et un pas de recherche  $s$  donnés, chaque paramètre altéré par  $s$  peut prendre en tout 3 valeurs en considérant celle courante, cf. équation 2.26. Ainsi, il existe au total non pas 12 mais  $3^6 = 729$  positions atteignables autour de la pose courante  $\mathbf{P}^t$ . Considérer plus de combinaisons entre les paramètres a pour effet de densifier l'espace de recherche comme l'illustre la figure 2.5. Ainsi, la probabilité de trouver la vraie pose 3D des données tomographiques augmente. Cependant, évaluer autant de positions est critique du point de vue du temps de calcul. Le système d'acquisition étant biplan, chaque évaluation demande de construire deux nouvelles DRRs afin de les comparer aux angiographies réelles, ce qui demande de générer  $2 \cdot 729 = 1458$  images à chaque

itération.

$$(p_i^t - s, p_i^t, p_i^t + s) \quad i \in [1..6] \quad (2.26)$$

Pour accélérer la convergence tout en conservant un espace de recherche dense, un nouvel algorithme d'optimisation appelé *Dense Hill Climbing* est proposé. Son schéma de recherche est le suivant. Les 6 paramètres  $p_i^t$  sont divisés en deux vecteurs  $(\mathbf{P}_a^t, \mathbf{P}_b^t)$ . Suivant le formalisme TR ou IH adopté pour définir les transformations, les paramètres des vecteurs  $(\mathbf{P}_a^t, \mathbf{P}_b^t)$  sont dans cet ordre, soit les translations puis les rotations, soit les paramètres intra puis hors plan. À chaque itération  $t$ , la recherche de la meilleure position s'effectue en deux étapes :

- (1) Dans un premier temps, seules les positions autour du premier groupe  $\mathbf{P}_a^t$  sont évaluées, celles du second groupe  $\mathbf{P}_b^t$  restant fixes. La meilleure position parmi les  $3^3 = 27$  est alors conservée et est notée  $\mathbf{P}_a^{t+1}$ .
- (2) De façon symétrique, les positions autour de  $\mathbf{P}_a^{t+1}$  sont dans un second temps fixées, celles autour de  $\mathbf{P}_b^t$  évaluées et la meilleure  $\mathbf{P}_b^{t+1}$  conservée. Enfin, la meilleure pose  $\mathbf{P}^{t+1}$  est définie par concaténation des vecteurs  $(\mathbf{P}_a^{t+1}, \mathbf{P}_b^{t+1})$  et la recherche réitérée.

Au final, non plus 729 positions sont évaluées à chaque itération mais seulement 54. Comme pour le Hill Climbing, si la meilleure pose reste inchangée, *i.e.*  $\mathbf{P}^t = \mathbf{P}^{t+1}$ , le pas de recherche  $s$  est diminué jusqu'à atteindre  $s_{min}$ . Dans le pseudo-code suivant, seul le calcul du premier groupe  $\mathbf{P}_a$  est détaillé, celui du second groupe  $\mathbf{P}_b$  étant identique. Les paramètres  $(O, O_{Best})$  sont la mesure courante et la meilleure,  $\mathbf{P}_r$  l'opérateur de projection et  $V_{CT}(\mathbf{A})$  les données tomographiques à la pose représentée par le vecteur  $\mathbf{A}$ .

Bien qu'ils permettent un recalage précis, les algorithmes *Hill Climbing* et *Dense Hill Climbing* sont relativement lents. Ceci est dû au fait que la pose  $\mathbf{P}$  des données tomographiques est altérée avec un pas de recherche  $s$  identique pour tous les paramètres. Enfin de savoir si un algorithme dérivatif, donc a priori plus rapide peut être utilisé, un dernier algorithme, le L-BFGS de Fletcher (1970) qui exploite la descente de quasi-Newton, est également employé. Cette approche permet d'accélérer la convergence, chaque paramètre de transformation étant altéré par un pas propre et proportionnel à la différence avec une estimation de sa vraie valeur.

---

**Algorithme 2** Algorithme du *Dense Hill Climbing*


---

**Entrées :**  $(\mathbf{P}_a^t, \mathbf{P}_b^t)$   
**Sorties :**  $\mathbf{P}_a^{t+1}$   
 $\mathbf{A} = (0, 0, 0, 0, 0, 0)^\top$   $O_{Best} = 100$   
**pour**  $[a_1 = (p_{a_1} - s) \rightarrow (p_{a_1} + s), a_1 ++]$  **faire**  
    **pour**  $[a_2 = (p_{a_2} - s) \rightarrow (p_{a_2} + s), a_2 ++]$  **faire**  
        **pour**  $[a_3 = (p_{a_3} - s) \rightarrow (p_{a_3} + s), a_3 ++]$  **faire**  
             $\mathbf{A} = (a_1, a_2, a_3, p_{b_1}, p_{b_2}, p_{b_3})^\top$   
             $I_{DRR} = \mathbf{P}_r(V_{CT}(\mathbf{A}))$   
            **si**  $(O(I_{DRR}, I_{Ang}) < O_{Best})$  **alors**  
                 $O_{Best} = O(I_{DRR}, I_{Ang})$   
                 $\mathbf{P}_a^{t+1} = \mathbf{A}$   
        **finpour**  
    **Retourne**  $\mathbf{P}_a^{t+1}$

---

## 2.4 Validation de la méthode de recalage

Cette section présente les plans d'expériences développés afin de valider les éléments de méthodologies proposés pour aligner des données tomographiques pré-opératoires avec des angiographies intra-opératoires de l'artère aorte et des MAPCAs. Dans un premier temps, les paramètres de validation, à savoir les données médicales à aligner et les métriques quantifiant les erreurs d'alignement, sont introduits. Dans un second temps, les plans d'expérience, au nombre de quatre et qui ont été définis pour répondre aux objectifs de l'étude, sont présentés :

- (1) Initialisation semi-automatique du recalage par les contraintes projectives
- (2) Validation de la qualité des angiographies synthétiques générées
- (3) Amélioration automatique de l'alignement par le recalage par intensité
- (4) Compensation du mouvement respiratoire

### 2.4.1 Présentation des paramètres de la validation

Bien que seuls trois jeux de données tomographiques soient disponibles, ils possèdent l'avantage d'être, en termes de résolution et de niveau de bruit, de qualité différente. Ils représentent ainsi des conditions d'acquisition tomographique différentes qui vont permettre de tester dans des cas limites la robustesse et la précision des méthodes développées.

#### 2.4.1.1 Caractéristiques des données à recalcr

Le premier jeu de données CT illustré aux figures 2.7a et 2.6 est entièrement synthétique. Il provient de l'acquisition par tomographie axiale d'un fantôme d'un arbre coronaire humain adulte rempli d'agent de contraste (Liao *et al.* (2010)). Il représente un cas idéal d'acquisition tomographique où d'une part la structure vasculaire est immobile et d'autre part l'agent de contraste est présent dans toute la structure et ne se diffuse pas. Aussi, puisqu'il s'agit d'un modèle synthétique et non d'une personne, l'énergie des rayons X avec laquelle les données CT sont acquises est grande. De ces faits, ces données sont de très bonne qualité et sans bruit. Elles se composent de 388 plans de coupe, chacun étant une image de  $512 \times 412$  pixels. Les deux autres jeux de données CT proviennent de l'hôpital Sainte-Justine. Ce sont des données réelles de jeunes patients atteints de cardiopathies cyanogènes avec MAPCAs. À l'inverse du fantôme, ces données sont bruitées à l'acquisition et d'autres structures anatomiques sont également présentes. De ce fait, les données CT requièrent au préalable d'être segmentées pour ne conserver que les structures d'intérêt, dans notre cas l'aorte et les MAPCAs. Pour cela, la méthode de segmentation de Rivest-Hénault *et al.* (2010) a été employée. Concernant la qualité de ces données, leur contraste et leur résolution sont moindres que celles des données synthétiques. Enfin, ces deux jeux de données sont de même dimension égale à  $512 \times 512 \times 214$  voxels.

Pour des raisons développées à la discussion (cf. section 3.3.2), il n'est pas encore possible, à ce stade de l'étude, d'employer des angiographies réelles pour valider la méthode de recalage. À la place, des angiographies synthétiques sont générées. Elles représentent le cas idéal d'acquisition radiographique où : (1) Les structures vasculaires présentes dans les angiographies 2D sont les même que celles des données tomographiques 3D. (2) La segmentation des angiographies et des données tomographiques est parfaite.

#### 2.4.1.2 Définition des métriques de la validation

Les principales propriétés retenues pour caractériser les méthodes de recalage développées sont la robustesse, la précision et le temps d'exécution. Les deux premières sont les plus détermi-

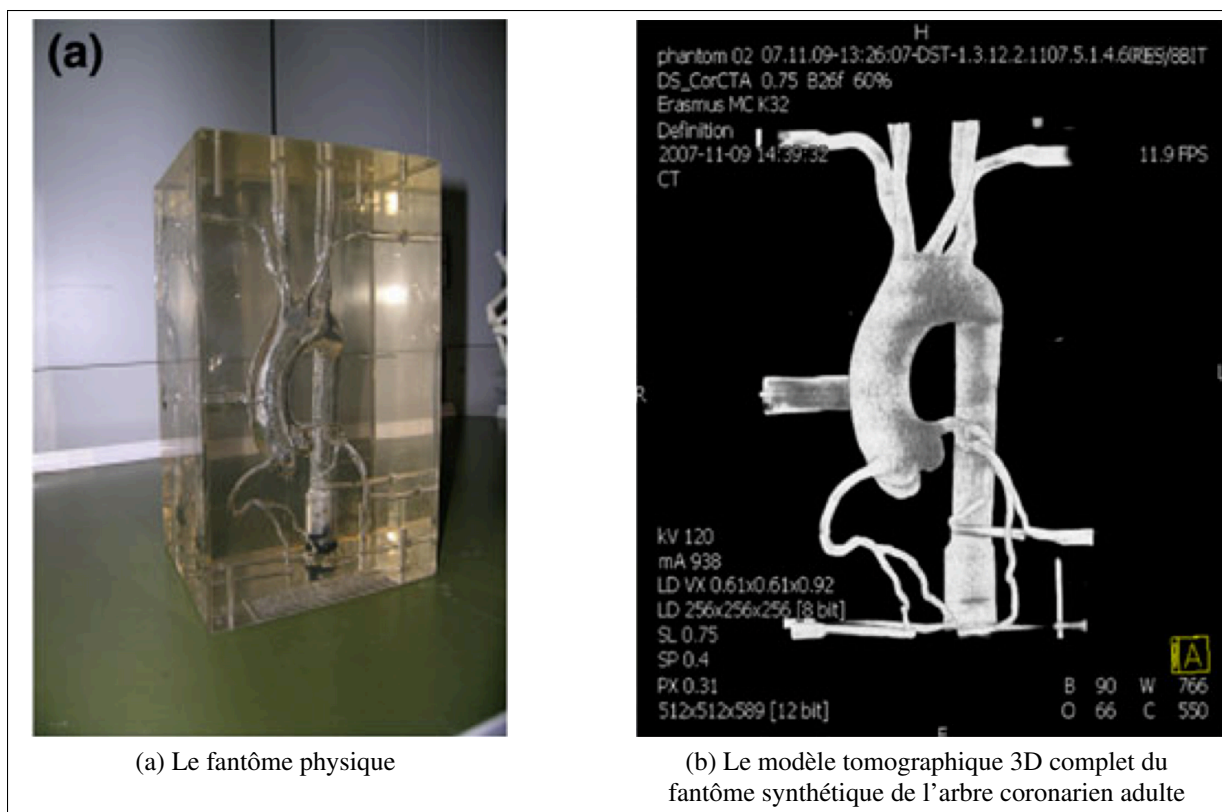


Figure 2.6 Arbre aorto-coronarien synthétique  
 Tirée de Liao *et al.* (2010) (p. 740), reproduit avec autorisation

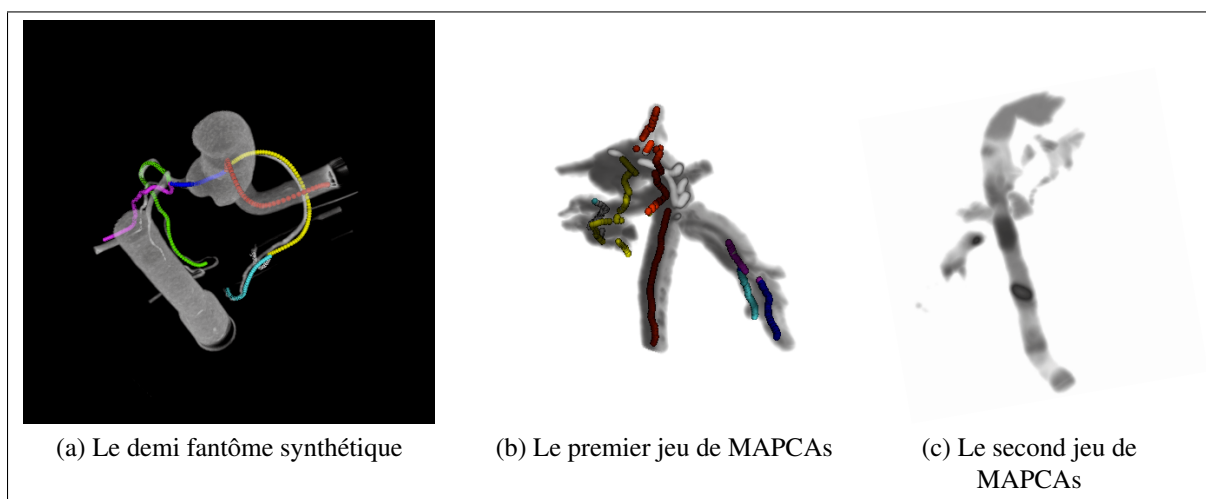


Figure 2.7 Les données tomographiques avec les lignes centrales associées

nantes car, d'une manière générale, les méthodes numériques peuvent aujourd'hui être accélérées par des techniques de parallélisation. Dans la suite du texte, la robustesse détermine la convergence des méthodes de recalage, *i.e.* leur capacité à diriger les données tomographiques vers leur pose recherchée. La précision qualifie, comme son nom l'indique, à quel point la pose estimée est proche de celle à retrouver.

Pour quantifier l'erreur d'alignement, la matrice de transformation rigide n'est pas directement comparée avec celle estimée par la méthode de recalage. À la place, l'erreur de position de certains voxels caractéristiques définis dans données est mesurée. Puisque les trois jeux de données modélisent des structures vasculaires, un ensemble de  $n = 500$  voxels a été choisi le long de structures pertinentes, à savoir l'aorte, les coronaires pour le fantôme et les MAPCAs, afin de former des lignes centrales (figure 2.7). Concernant le second jeu de données de MAPCAs, un problème apparaît car seule l'aorte a pu réellement être segmentée par la méthode de Rivest-Hénault *et al.* (2010). Le nombre de lignes centrales que présente ce jeu de données étant relativement faible, les voxels définis pour le premier jeu de MAPCAs ont été employés. L'utilisation de ces voxels caractéristiques permet d'obtenir des statistiques plus discriminantes et représentatives en assurant que les erreurs, en particulier celles de profondeur, soient d'un point de vue statistique représentatives. En effet, si tous les voxels étaient considérés, ils auraient tendance à mutuellement compenser leurs erreurs et celles-ci seraient plus lisses. Les métriques quantifiant l'erreur d'alignement entre les vraies positions  $\mathbf{P}_i$  et celles estimées par les méthodes recalage  $\mathbf{P}_{r_i}$  des voxels caractéristiques sont définies à l'équation (2.27). La première métrique  $TRE_{3D}$  mesure en millimètres la distance moyenne entre les deux groupes de points 3D  $\{ (\mathbf{P}_i, \mathbf{P}_{r_i}), i \in [1..n]^2 \}$  (Hajnal *et al.* (2001)). La seconde  $TRE_{2D}$  quantifie la distance moyenne entre les projections des voxels  $\{ (\mathbf{p}_i, \mathbf{p}_{r_i}), i \in [1..n]^2 \}$ . Le système d'acquisition C-Arm modélisé étant biplan, l'erreur  $TRE_{2D}$  finale est la moyenne des erreurs  $TRE_{2D}$  de chaque vue radiographique.

$$TRE_{3D} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\mathbf{P}_i - \mathbf{P}_{r_i})^2} \quad TRE_{2D} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (\mathbf{p}_i - \mathbf{p}_{r_i})^2} \quad (2.27)$$



Dans la suite du texte, un alignement est défini comme marginal si son erreur  $TRE_{3D}$  est plus grande qu'un certain seuil. Les méthodes de recalage seront considérées comme robustes si le nombre d'alignements marginaux obtenu est petit. De même, elles seront considérées comme précises si, en moyenne, l'erreur  $TRE_{3D}$  des alignements, ceux marginaux non inclus, est faible.

## 2.4.2 Présentation des plans d'expérience

Quelque soit la technique de recalage évaluée, le système d'acquisition C-Arm simulé est bi-plan. Sa géométrie, représentée à la figure 2.8, est celle définie par Jomier *et al.* (2006). La première vue radiographique, celle de référence, est orientée de telle sorte que son axe optique soit confondu avec l'axe  $\vec{z}$  du repère de référence du système C-Arm  $\mathcal{R}_a$ , cf. figure 2.1. Pour compenser au maximum les erreurs de profondeur par rapport à la première vue, la seconde est placée perpendiculairement à la première et son axe optique est aligné avec l'axe  $\vec{x}$  du repère de référence du système C-Arm  $\mathcal{R}_a$ .

### 2.4.2.1 Alignement initial des données tomographiques

La méthode de recalage par contraintes projectives étant par caractéristiques, seules des correspondances géométriques 3D-2D sont nécessaires et non les données tomographiques à proprement parler. Afin de ne pas devoir établir manuellement les correspondances 3D-2D entre les sommets des triangles  $T$  et les sommets des pyramides  $P_r$ , le protocole suivant est adopté. L'ensemble de  $n$  points définissant les lignes centrales du fantôme est utilisé pour aléatoirement construire les triangles  $T$  et au passage les pyramides  $P_r$  dans lesquelles ils doivent être inscrits. À l'état initiale, les données tomographiques 3D, *i.e.* les lignes centrales, sont placées à l'iso-centre du système d'acquisition radiographique et ne sont ni déplacées, ni tournées. À cette pose, les triangles  $T$  sont construits et les positions de leurs sommets sont conservées pour former le premier groupe de points 3D  $\mathbf{G}_a$ . Ensuite, les lignes centrales sont déplacées par une transformation aléatoire  $T$  à retrouver. Les sommets des triangle  $T$  sont alors projetés pour former les triangles de base des pyramides  $P_r$ . Enfin, le second groupe de points 3D  $\mathbf{G}_r$  est

créé en calculant la position des sommets de chaque triangle  $T$  le long des côtés de la pyramide  $P_r$  associé.

Comme il a été vu à la section 2.2.2.2, la robustesse et la précision de cette méthode dépendent en premier lieu de la précision avec laquelle la mise en correspondances 3D-2D pour définir les pyramides  $P_r$  est établie. Cependant, aucune étude clinique indiquant l'ordre de grandeur des erreurs d'identification manuelle de caractéristiques anatomiques sur des angiographies de structures vasculaires n'a été trouvée pour guider les expériences. Nous l'expliquons, du moins en partie, par la rareté des malformations cardiaques traitées. À la place, le résultat de l'étude de Andre *et al.* (1992) portant sur la reconstruction 3D de vertèbres indiquant que les erreurs d'identification des caractéristiques sont de l'ordre de 2mm est pris comme référence. L'aorte ou les MAPCAs se déformant plus que les os, nous avons néanmoins choisi de définir une erreur maximale d'identification de 6mm. Afin de simuler des erreurs de mise en correspondance 3D-2D manuelle, les sommets des bases des pyramides  $P_r$  sont écartés selon une loi normale centrée de leur vraie position. La variance  $v$  de la loi normale, exprimée en pixels, est progressivement augmentée par pas de deux dans l'intervalle  $[0..20]$ . La taille des pixels des angiographies simulées étant égale à 0,3mm, l'erreur maximale considérée est bien égale à 6mm. Le nombre de correspondances 3D-3D  $n_{3D-3D}$  formant les deux groupes de points caractéristiques ( $\mathbf{G}_a, \mathbf{G}_r$ ) est également un paramètre influant, cf. section 2.2.2.1. Il est directement défini à partir du nombre de correspondances 3D-2D  $n_{3D-2D}$  entre les images, cf. équation (2.28). Enfin, dix points 3D sont calculés à partir de la position de sommets de chaque triangle  $T$ .

$$n_{3D-3D} = 10 \cdot \frac{n_{3D-2D}!}{3!(n_{3D-2D} - 3)!} \quad (2.28)$$

Ce recalage semi-automatique devant initialiser celui par intensité, il doit être en mesure d'estimer des transformations d'amplitudes importantes. Ainsi, l'amplitude maximale des transformations à retrouver est aléatoirement définie dans des intervalles de plus en plus grands :  $([-10, 10], [-20, 20], \dots, [-90, 90])$  millimètres pour les translations et degrés pour les rotations. Chaque combinaison de paramètre : (**A**) amplitude des transformations, (**B**) précision de correspondances 3D-2D, (**C**) nombre  $n_{3D-2D}$  de correspondances 3D-2D forme une série de

Tableau 2.1 Résumé des paramètres et des mesures des tests de recalage par contraintes projectives

Paramètres			Mesures			
(A)	(B)	(C)	$TRE_{2D}$	$TRE_{3D}$	$N_o$	$t$
10	0	3	mm	mm		s
20	2	4				
30	4	5				
...	...	...				
90	20	10				

tests, chaque série étant constituée de 100 transformations d'amplitude aléatoire à retrouver en fonctions des paramètres ((A), (B), (C)), cf. tableau 2.1. Les quantités évaluées pour caractériser la méthode de recalage par contraintes projectives sont les erreurs ( $TRE_{3D}, TRE_{2D}$ ), le nombre d'alignement marginaux  $N_o$  et le temps de calcul  $t$  en secondes. Un alignement est considéré comme marginal si son erreur  $TRE_{3D} > \frac{A_m}{2}$  où  $A_m$  est l'amplitude maximale des transformations.

#### 2.4.2.2 Qualité des angiographies simulées

Afin de déterminer la qualité des angiographies synthétiques créées par la technique de projection de voxels proposée dans cette étude, les DRRs sont qualitativement comparées à des images générées par l'algorithme de tracé de rayon de Jacobs *et al.* (1998). Bien que les DRRs ne puissent être confrontées à des angiographies réelles (cf. section 3.3.2), Zollei (2001) et Markelj *et al.* (2010) indiquent que les algorithmes de tracé de rayons produisent les images de plus haute qualité. Cette validation permet, au moins, de confronter la méthode développée à celle qui est considérée actuellement comme le standard dans la littérature. De plus, le temps de calcul des deux techniques est aussi évalué.

#### 2.4.2.3 Recalage par intensité des données tomographiques

Les essais conduits ont pour but premier de déterminer le couple *mesure de similarité - algorithme d'optimisation* permettant d'aligner au mieux et de façon automatique les données tomographiques des structures vasculaires. Pour cela, deux expériences sont menées. La première

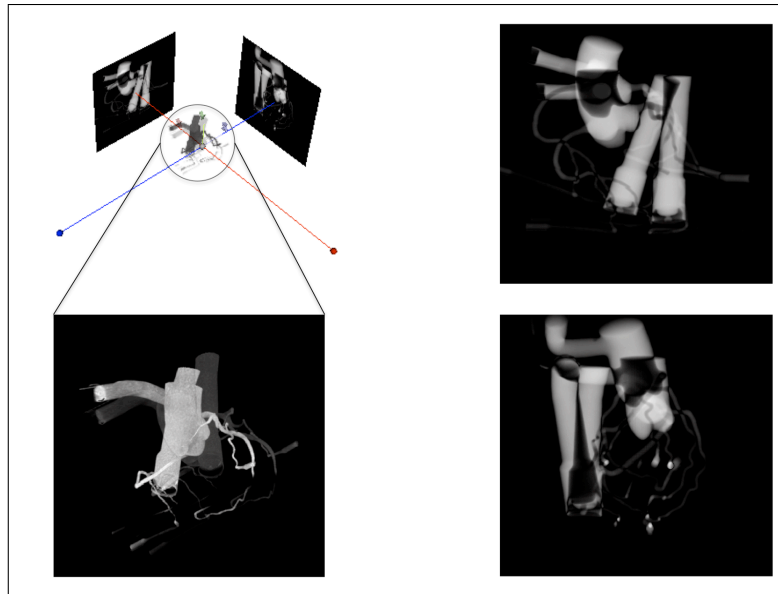


Figure 2.8 Simulation du recalage rigide par intensité

porte sur la robustesse aux bruits des mesures employées : l'information mutuelle normalisée *NMI*, le coefficient de corrélation entropique *ECC* et enfin la différence de gradients normalisée *NGD*. À l'état initial, les données tomographiques 3D sont d'abord placées à l'iso-centre du système et une DRR est créée, c'est l'image de référence. Ensuite, la pose des données tomographiques est progressivement altérée en faisant varier un unique paramètre. À chaque itération, une nouvelle DRR est générée et sa similarité avec l'image de référence mesurée. Les translations considérées sont variées dans l'intervalle  $[-100..100]$  millimètres et les rotations dans  $[-180..180]$  degrés. De plus, les images sont également détériorées par un bruit blanc gaussien de quatre niveaux : nul, faible, moyen puis fort. Les amplitudes des variations en intensité correspondant à chaque niveau, *i.e.* l'écart type du bruit, sont  $(0, 12, 75, 25, 38, 25)$ . Enfin, les essais sont conduits avec une vue radiographique seulement pour clairement apprécier l'influence de chacun des paramètres de transformation.

La seconde expérience porte sur la méthode de recalage par intensité à proprement parler. Elle correspond aux conditions idéales où les images par rapport auxquelles les données tomographiques sont recalées sont parfaitement segmentées. Celles-ci sont de ce fait directement simulées par des DRRs et ne comportent ainsi aucun bruit. En plus de l'influence sur la précision et

Tableau 2.2 Résumé des paramètres et des mesures des tests de recalage par intensité

Paramètres					Mesures				
(A)	(B)	(C)	(D)	(E)	$TRE_{2D}$	$TRE_{3D}$	$t$	$N_o$	$N_c$
10	$NMI$	$\mathcal{R}_A$	TR	HC	mm	mm	s		
20	$ECC$	$\mathcal{R}_P$	IH	DHC					
30	$GD$			LBFGS					

la robustesse du recalage des différents algorithmes d’optimisation et mesures de similarité, les influences du repère dans lequel la transformation est définie et du formalisme TR ou IH adopté pour ordonner les paramètres de transformation sont également étudiées, cf. section 2.3.3.1. Le dernier paramètre évalué est l’amplitude des transformations. Pour cela, les données tomographiques 3D sont initialement placées à l’iso-centre et l’amplitude des transformations à retrouver est aléatoirement définie dans les intervalles  $[-10, 10]$ ,  $[-20, 20]$ ,  $[-30, 30]$ . La figure 2.8 montre une itération du recalage où le volume 3D opaque représente la position courante et celui en transparence illustre la pose à atteindre. Les images à droite sont les différences entre les DDRs créées à la pose courante des données tomographique et les DRRs à la pose recherchée. Si le recalage a convergé, ces images sont totalement noires à la fin du traitement. Chaque combinaison de paramètre : (A) amplitude maximale des transformations, (B) mesure de similarité, (C) repère de définition de la transformation, (D) formalisme des paramètres de transformation et (E) algorithme d’optimisation, forme une série d’essai, cf. tableau 2.2. Chaque série est, là encore, constituée de 100 transformations d’amplitude aléatoire à retrouver en fonctions des paramètres ((A), (B), (C), (D), (E)). Les quantités évaluées pour caractériser la méthode de recalage par contraintes projectives sont les erreurs ( $TRE_{3D}$ ,  $TRE_{2D}$ ) en millimètres, le nombre d’alignement marginaux  $N_o$ , le nombre d’itération  $N_c$  et le temps de calcul  $t$  en secondes. Un alignement est considéré comme marginal si son erreur  $TRE_{3D} > \frac{A_m}{2}$  où  $A_m$  est l’amplitude maximale des transformations.

#### 2.4.2.4 Compensation du mouvement respiratoire

Concernant les caractéristiques du mouvement respiratoire chez les nouveau-nés, aucune étude les décrivant n’a été trouvée dans la littérature. A priori, il n’est donc pas possible de connaître

l'ordre de grandeur des transformations rigides recherchées et ainsi de savoir si la méthode de recalage par intensité est en mesure de les compenser. Néanmoins, deux articles cliniques apportent des informations qui permettent en partie de conclure ce point. La première étude de Shechter *et al.* (2006) indique que le déplacement des artères coronaires adultes causé par le mouvement respiratoire est de l'ordre de  $6 \pm 2\text{mm}$ . Puisque les patients sont des nouveau-nés, la taille de leur système cardio-pulmonaire comme l'amplitude du mouvement respiratoire sont plus petites. La seconde étude de Dagum *et al.* (1999), qui décrit la dynamique des déformations de la racine aortique de moutons<sup>4</sup> durant un cycle cardiaque complet, montre que les déformations élastiques de cette artère causées par le battement cardiaque sont en moyenne de l'ordre de  $5 \pm 5\text{mm}$ . De plus, la racine aortique est le segment ascendant de l'artère qui joint la valve cardiaque et dont les déformations sont les plus importantes. À l'inverse les MAPCAs se trouvent le long de l'aorte descendante qui se déforme moins. Enfin, des nouveau-nés étant beaucoup plus petits que des moutons, les déformations élastiques de l'aorte et des MAPCAs doivent être d'autant plus faibles. À titre de comparaison, les six animaux qui ont participé à l'étude de Dagum *et al.* (1999) ont des masses de  $72 \pm 4\text{kg}$  alors que des nouveau-nés sains pèsent en moyenne  $3\text{kg}$ , soit 24 fois moins. De ces faits, il est réaliste de poser comme hypothèse que des mouvements respiratoires d'amplitude  $6 \pm 2\text{mm}$  auxquels s'ajoutent des mouvements cardiaques d'amplitude  $5 \pm 5\text{mm}$  représentent des cas extrêmes pour l'artère aorte et les MAPCAs qui ne seront jamais atteints. La méthode de recalage développée étant rigide, seule la compensation de la respiration est considérée dans l'étude.

Le modèle du mouvement respiratoire  $r$  employé est celui développé par Lujan *et al.* (1999), cf. équation (2.29). Comme le précise Lewis et Jiang (2009), le mouvement respiratoire est supposé unidirectionnelle dans l'axe cranio-caudal, *i.e.* dans la direction parallèle à la colonne vertébrale de la tête vers les pieds. Dans la figure 2.1, l'axe cranio-caudal correspond à l'axe  $\vec{y}$  du repère de référence  $\mathcal{R}_a$  du système C-Arm.

$$r(t) = A \cdot \cos^{2n}\left(\frac{\pi \cdot t}{\tau} + \phi\right) \quad (2.29)$$

---

4. Il est souvent plus simple d'analyser certaines pathologies sur des animaux que sur des êtres humains.

Le paramètre  $A$  est l'amplitude maximale du mouvement,  $\tau$  la période du cycle respiratoire et  $\phi$  la phase initiale du cycle respiratoire. Le dernier coefficient  $n$  détermine la forme du mouvement (Lewis et Jiang (2009)). Pour les expériences,  $\phi = 0$ ,  $\tau = 4,2\text{s}$  et  $n = 0^5$ . Afin d'estimer la capacité de la technique de recalage par intensité à compenser le mouvement respiratoire, le protocole suivant a été développé. Dans un premier temps, des mouvements respiratoires d'amplitude maximale  $A = 10\text{mm}$  ou  $A = 20\text{mm}$  sont simulées et les données tomographiques déplacées en conséquence. À une fréquence de 9 Hz, les poses des données tomographiques sont conservées et des DRRs simulant les acquisitions radiographiques intra-opératoires sont générées. Ce sont les poses de référence que la méthode de recalage doit être en mesure de suivre. Dans un second temps, les mêmes expériences sont conduites mais les poses de références sont altérées par de petites translations et rotations d'amplitude maximale égale à 2mm et  $2^\circ$ .

---

5. Ne connaissant pas les caractéristiques du mouvement respiratoire chez les nouveau-nés, nous avons choisi de prendre les mêmes valeurs que celles employées par Lewis et Jiang (2009).





## CHAPITRE 3

### RÉSULTATS ET DISCUSSION

Ce chapitre résume et discute les résultats des expériences menées afin de valider les éléments de méthodologies proposées pour aligner des données tomographiques pré-opératoires avec des angiographies intra-opératoires. Les résultats sont présentés en miroir des plans d'expérimentation introduits à la section 2.4.2 :

- (1) Initialisation semi-automatique du recalage : section 3.1
- (2) Validation de la qualité des angiographies synthétiques générées : section 3.2
- (3) Amélioration automatique de l'alignement par le recalage par intensité : section 3.3
- (4) Compensation du mouvement respiratoire : section 3.4

Hormis pour la première expérience, la présentation des résultats suit toujours la même structure. D'abord, les figures illustrant les résultats sont décrites et expliquées, ensuite les résultats sont exposés et enfin sont discutés.

#### 3.1 Alignement initial des données tomographiques

Les figures 3.1 - 3.2 - 3.3 - 3.4 présentent les résultats de la méthode de recalage par contraintes projectives. Comme définis à la section 2.4.2.1, les paramètres testés sont : (A) l'amplitude des transformations, (B) la précision des correspondances 3D-2D manuelles formant les bases des pyramides  $P_r$  et (C) le nombre de correspondances manuelles  $n_{3D-2D}$  employées. Par la suite, les conventions suivantes sont adoptées pour les figures : en bleu :  $n_{3D-2D} = 3$  points de correspondance, en vert :  $n_{3D-2D} = 5$  points, en orange :  $n_{3D-2D} = 7$  points et en rouge :  $n_{3D-2D} = 9$  points. Les figures illustrent principalement l'influence sur la robustesse et la précision de l'alignement des erreurs de correspondances 3D-2D. Chaque figure présente les résultats pour les amplitudes maximales des transformations rigides dans (30, 50, 70, 90) millimètres et degrés. Les deux graphes du haut sont la moyenne et la variance des erreurs  $TRE_{2D}$  et  $TRE_{3D}$  des séries en fonction de l'erreur de correspondances 3D-2D. Il faut noter que ces statistiques ne tiennent

pas compte des alignements marginaux (notés faux tests dans les figures) dont le nombre, pour chaque série, est donné par le graphe en bas à gauche. Enfin, le dernier graphique, en bas à droite, représente la moyenne du temps de calcul des tests en fonction du nombre de correspondances.

Les résultats montrent que la robustesse et la précision du recalage reposent respectivement sur **(C)** le nombre  $n_{3D-2D}$  de correspondances 3D-2D établies et **(B)** la précision avec laquelle elles sont établies. L'amplitude de la transformation recherchée **(A)** influe également sur la précision. Comme le montrent les figures 3.1 - 3.2 - 3.3 - 3.4, la moyenne et l'écart-type des erreurs  $TRE_{2D}$  et  $TRE_{3D}$  augmentent de façon significative avec l'amplitude des transformations. Lorsque le nombre de correspondances  $n_{3D-2D}$  est inférieur à 7, le nombre d'alignements marginaux augmente fortement avec les erreurs de mise en correspondance 3D-2D. Pour que ce recalage semi-automatique soit en mesure de retrouver des transformations d'amplitude importante, les figures 3.3 - 3.4 montrent qu'il faut employer au moins 7 et au mieux 9 points par image. Puisque la méthode fonctionne avec un système biplan, cela revient à établir manuellement 14 ou 18 points sur les angiographies. Dans ce cas, le nombre d'alignements marginaux reste inférieur à 10 %, même si l'erreur de correspondance 3D-2D atteint le maximum de 6mm. Si les erreurs de correspondance 3D-2D sont faibles, *i.e.* inférieures en moyenne à 3mm, l'alignement est précis. Quelque soit l'amplitude des transformations, les erreurs  $TRE_{3D}$  sont de l'ordre de  $5 \pm 2$ mm et chutent à  $2 \pm 1$ mm dans le cas où les correspondances sont exactes. À l'inverse, si les erreurs de correspondance 3D-2D sont supérieures à 3mm, alors les erreurs  $TRE_{3D}$  augmentent rapidement jusqu'à atteindre en moyenne  $15 \pm 7$ mm, cf. figures 3.3 - 3.4. Bien que l'alignement devienne rapidement moins précis lorsque les erreurs de correspondances 3D-2D augmentent, les erreurs  $TRE_{2D}$  et  $TRE_{3D}$  restent néanmoins dans l'ensemble raisonnables. Enfin, le temps de calcul est convenable, ce dernier étant au maximum égal à 14s avec 9 points de correspondance 3D-2D et sans calcul parallèle.

La méthode de recalage semi-automatique des contraintes projectives est prometteuse. Cette technique exploitant des caractéristiques, elle ne dépend pas des données tomographiques à recalculer. Ainsi, du moment que l'alignement est rigide, elle peut être utilisée quelque soit l'or-

gane du corps en jeu. Néanmoins, cette méthode, pour être précise et robuste, présente deux contraintes. La première, physique et matérielle, de nécessiter deux vues radiographiques perpendiculaires. Dans notre étude, cette contrainte n'est pas un problème car le CHU Sainte-Justine possède un tel système d'acquisition C-Arm biplan et la géométrie simulée (cf. section 2.4.2.2) est conventionnelle pour des interventions percutanées, cf. Jomier *et al.* (2006). Cependant, les systèmes d'acquisition C-Arm biplans sont assez coûteux et les hôpitaux en possèdent rarement, ce qui peut limiter l'intérêt pratique de notre technique d'initialisation. La seconde contrainte est qu'il est nécessaire d'établir au moins  $n_{3D-2D} = 14$  correspondances 3D-2D pour aligner les données avec la précision désirée. Afin d'améliorer la précision et la robustesse de cette technique tout en employant moins de correspondances 3D-2D, l'algorithme de RANSAC de Fischler et Bolles (1981) pourrait être utilisé. Lors du calcul de la transformation rigide, les points 3D calculés dont certains sont erronés ne sont pas tous considérés mais, à la place, des sous groupes formés aléatoirement. À partir de chaque sous groupe, une matrice de transformation rigide est calculée et les points trop aberrants au regard de cette transformation sont rejetés. Ce procédé est ensuite répété jusqu'à ce que la transformation soit optimale pour un maximum de points. Néanmoins, McLaughlin *et al.* (2005) indiquent dans leur méthode de recalage point à point que l'algorithme RANSAC n'apporte pas d'amélioration significative. Toutefois, cet algorithme reste un classique en vision par ordinateur. Il est très efficace dans beaucoup d'applications<sup>1</sup> et mérite d'être testé, d'autant plus que son implémentation est relativement simple.

---

1. Il permet, par exemple, d'améliorer le calcul de l'homographie entre deux images.

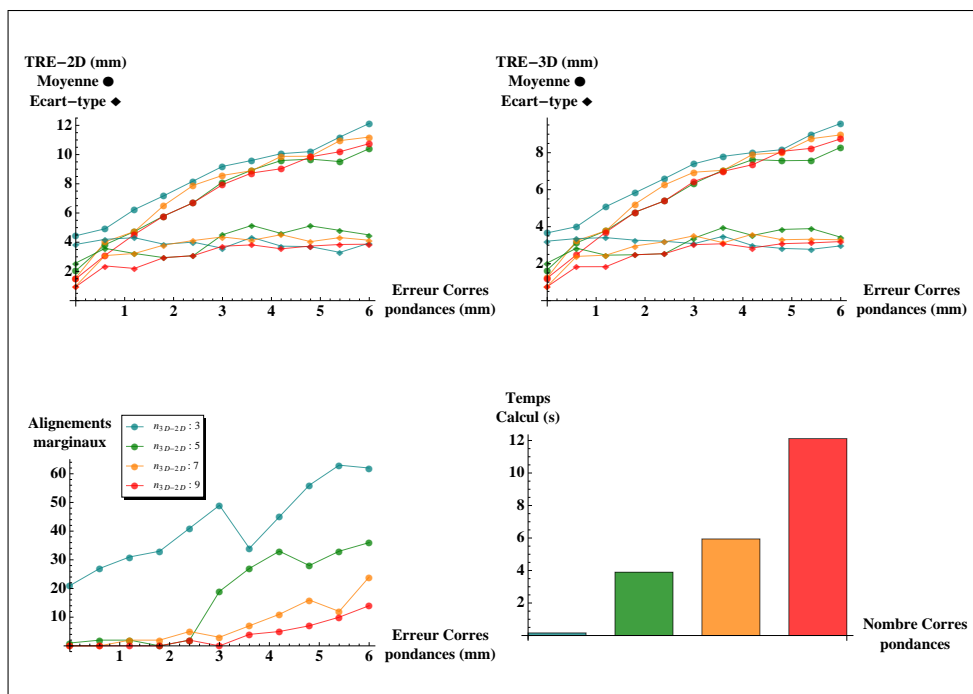


Figure 3.1 Contraintes projectives : erreurs  $TRE$  en fonction des erreurs de correspondance 3D-2D avec amplitude maximale des transformations 30mm et 30°

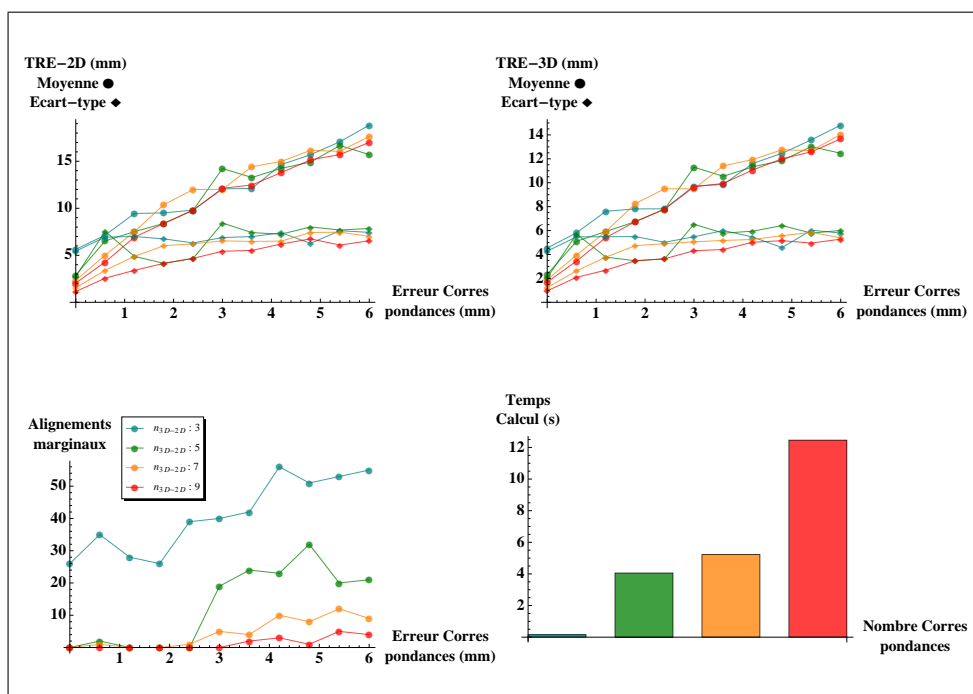


Figure 3.2 Contraintes projectives : erreurs  $TRE$  en fonction des erreurs de correspondance 3D-2D avec amplitude maximale des transformations 50mm et 50°

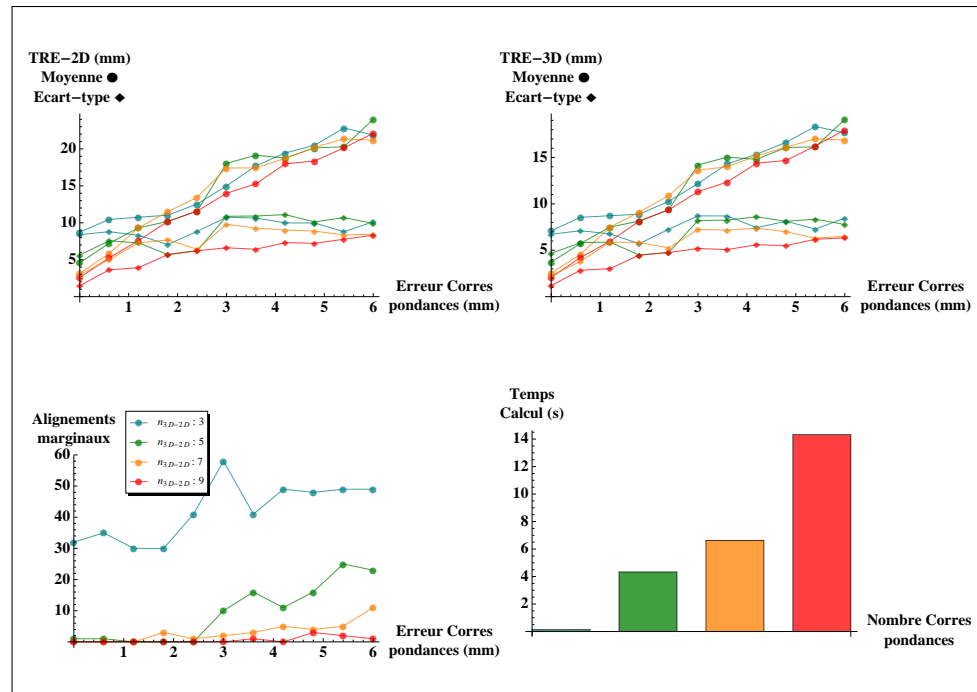


Figure 3.3 Contraintes projectives : erreurs  $TRE$  en fonction des erreurs de correspondance 3D-2D avec amplitude maximale des transformations 70mm et 70°

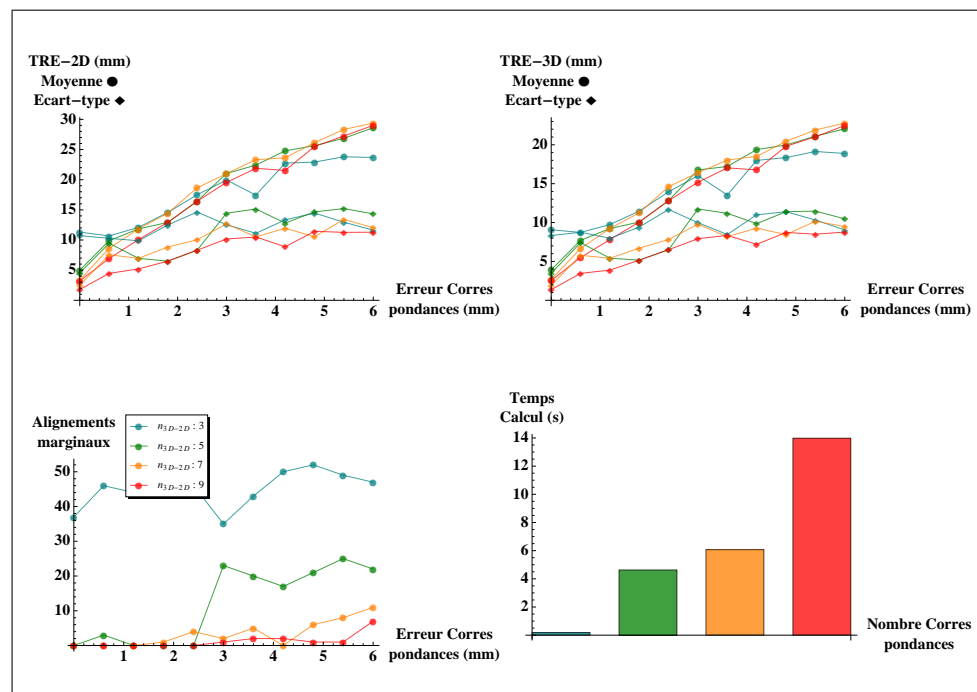


Figure 3.4 Contraintes projectives : erreurs  $TRE$  en fonction des erreurs de correspondance 3D-2D avec amplitude maximale des transformations 90mm et 90°

### 3.2 Qualité des angiographies simulées

La figure 3.5 montre des angiographies synthétiques générées, à partir des données tomographique du fantôme, par la méthode de projection de voxels proposée et l'algorithme de tracé de rayons de Jacobs *et al.* (1998). Pour le moment, notre implémentation de l'algorithme de tracé de rayons provoque des distorsions géométriques et la forme de la structure projetée est légèrement faussée. Néanmoins, cela n'affecte pas la qualité des images dont les résultats sont très encourageants. Les deux techniques semblent, visuellement, produire des images de qualité équivalente avec les données tomographiques du fantôme. Les artefacts de discrétisation générés par la technique de projection de voxels comme les vibrations sont parfaitement corrigés grâce au filtre COT de Cosman (2000) .

La figure 3.6 présente, quant à elle, les histogrammes (de 255 niveaux de gris) afin de mieux comparer la différences entre les distributions d'intensité des images. Globalement, les deux histogrammes ont la même forme mais, celui de l'image générée par la méthode de projection de voxels est un peu plus épars et contient des trous. Ce phénomène est dû au fait que dans la techniques de projection de voxels développée, les épaisseurs d'un rayon dans les voxels qu'ils traversent sont toutes approchées par une épaisseur moyenne, cf. section 2.3.1.2. Ainsi, les coefficients d'absorption finaux des rayons à partir desquels les DRRs sont créées sont eux même arrondis et l'histogramme des angiographies synthétiques tronqué. Bien que ce phénomène de discrétisation n'affecte pas la qualité visuelle, il pourrait détériorer les mesures de similarité. Cette remarque s'adresse en particulier aux mesures issues de la théorie de l'information de Shannon (1948) qui exploitent les histogrammes des images.

Comme indiquée à la section 1.3.1, l'opération la plus couteuse en temps de calcul de la méthode de recalage par intensité est la simulation des angiographies synthétiques. Néanmoins, la méthode de projection de voxels proposée s'avère plus rapide. Simuler une angiographie à partir le fantôme synthétique demande 1,3s avec la projection de voxels et 9s avec le tracé de rayons. Avec la parallélisation CPU implémentée, notre algorithme de projection de voxels permet de simuler des angiographies à partir des jeux de données de MAPCAs en  $\sim 0,1$ s.

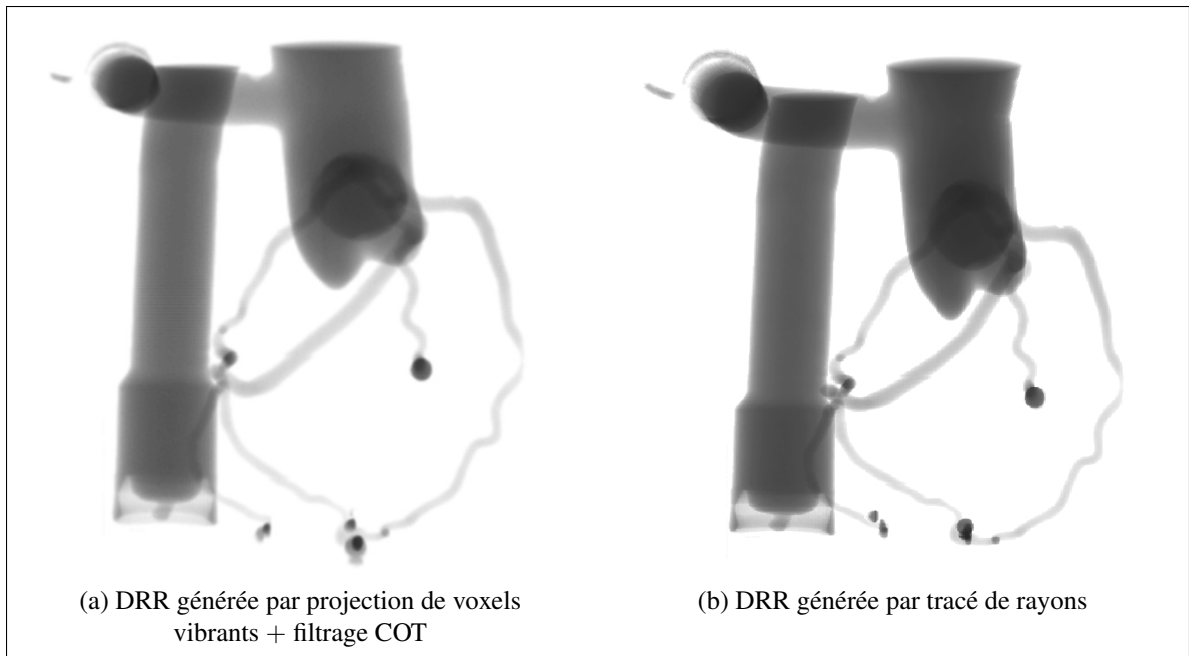


Figure 3.5 Simulation d'angiographies : comparaison avec les images des techniques de tracé de rayon de Jacobs *et al.* (1998) et de projection de voxels proposée

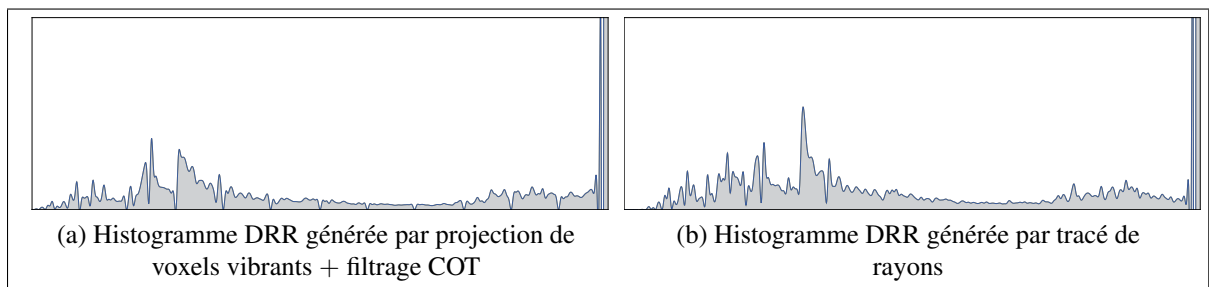


Figure 3.6 Simulation d'angiographies : comparaison avec les histogrammes des techniques de tracé de rayon de Jacobs *et al.* (1998) et de projection de voxels proposée

Bien que ce temps de calcul soit déjà relativement faible, il reste encore trop important pour que l'implémentation actuelle soit temps réel. Pour cela, il faudrait générer des images synthétiques au moins 10 fois plus rapidement, *i.e.* en un centième de seconde, ce que seule une parallélisation GPU permet (Ruijters *et al.* (2008) et Gendrin *et al.* (2009)). Comme le montre les tableaux de l'annexe III, le calcul des mesures de similarité prend également du temps et devrait lui aussi être accéléré par des méthodes de parallélisation similaires.

### 3.3 Recalage par intensité des données tomographiques

#### 3.3.1 Robustesse des mesures de similarité au bruit

Les figures 3.7 - 3.8 - 3.9 - 3.10 présentent les résultats des tests de robustesse au bruit des mesures de similarités employées : l'information mutuelle normalisée  $NMI$ , le coefficient de corrélation entropique  $ECC$  et la différence des gradients normalisée  $NGD$ . Pour déterminer la robustesse des mesures, les images ont été détériorées par un bruit blanc gaussien de quatre niveaux : nul, faible, moyen puis fort. Les amplitudes des variations en intensité correspondant à chaque niveau, *i.e.* l'écart type du bruit, sont  $(0, 12, 75, 25, 38, 25)$ . Dans les figures, le niveau de bruit nul est en bleu, le faible en vert, le moyen en orange et enfin le fort en rouge. L'information mutuelle normalisée  $NMI$  est prise comme mesure de référence et ses courbes apparaissent en pointillé alors que celles des mesures  $ECC$  et  $GD$  sont pleines. Les deux premières figures 3.7 et 3.8 comparent la mesure  $NMI$  avec les coefficients  $ECC$  et  $NGD$  en prenant comme données tomographiques le fantôme synthétique. Les deux graphes du haut montrent la robustesse des mesures en fonction de la translation et de la rotation d'axe  $\vec{x}$  du repère  $\mathcal{R}_a$ , les deux du bas en fonction des transformations d'axe  $\vec{z}$ . Cette configuration a été adoptée car tous les cas de transformations incluses et hors plans sont considérés. Les deux dernières figures 3.9 et 3.10 comparent quant à elle les mêmes mesures de similarité mais en prenant comme données tomographiques le second jeu de données de MAPCAs.

Les figures 3.8 et 3.10 montrent, de façon flagrante, que la méthode employée pour normaliser la différence des gradients  $GD$  est mauvaise. Les variations de la différence de gradient normalisée  $NGD$  sont très faibles même si les images ne sont pas bruitées et ce quelle que soit la transformation ou les données considérées. De plus, dès que les images sont bruitées, les variations deviennent si faibles que le minimum global recherché disparaît. Ce comportement ne correspondant pas à celui décrit dans la littérature, les études de Penney *et al.* (1998) et de McLaughlin *et al.* (2005) indiquant que la différence des gradients est normalement une mesure robuste adaptée au recalage multimodal. À l'inverse, l'information mutuelle normalisée  $NMI$  et le coefficient de corrélation entropique  $ECC$  se comportent beaucoup mieux et en



particulier la seconde mesure *ECC*, cf. figures 3.7 et 3.9. Par rapport à l'information mutuelle normalisée *NMI*, la racine carrée du coefficient *ECC* accentue très fortement les variations et, de ce fait, la valeur du minimum global ici définie en 0. De plus, l'amplitude de convergence du coefficient *ECC* est plus importante que celle de la mesure *NMI*. Cette amplitude correspond aux valeurs des translations et des rotations à partir desquelles la pente de la courbe s'accroît fortement pour plonger vers le minimum global. Dans les deux premières figures 3.7 et 3.8 avec le fantôme, alors que l'amplitude maximale des transformations autour du minimum global est de l'ordre de  $[-10, 10]$ mm pour les translations et  $[-10, 10]^\circ$  pour les rotations si l'information mutuelle normalisée *NMI* est employée. Elle est au minimum de l'ordre de  $[-30, 30]$ mm et  $[-30, 30]^\circ$  dans le cas où le coefficient de corrélation entropique *ECC* est utilisé. Avec le second jeu de données de MAPCAs, l'amplitude de convergence des deux mesures sont du même ordre de grandeur.

Enfin, les résultats obtenus confirment certaines conclusions avancées dans la littérature. Malgré leur non-linéarité, les fonctions objectives que définissent les mesures de similarité sont relativement symétriques. Comme l'indique Wein (2003), ceci peut rendre les mesures optimales même si les deux images ne correspondent pas. Aussi, le comportement des mesures de similarité dépend de la qualité des données tomographiques.

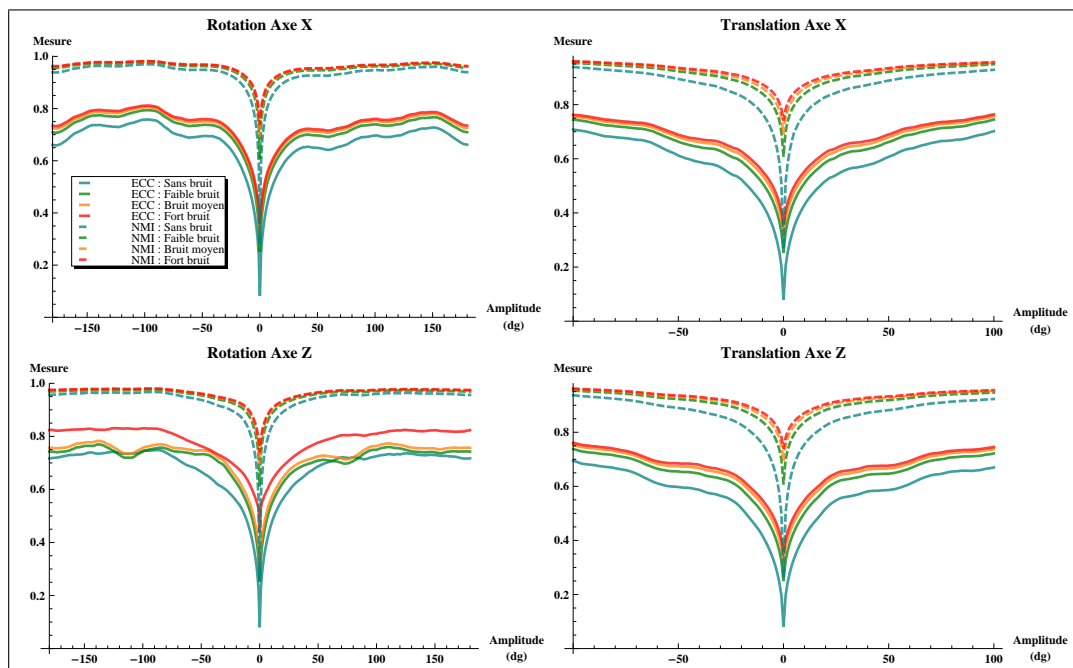


Figure 3.7 Mesures de similarité : comparaison des mesures de similarité NMI et ECC avec le Fantôme

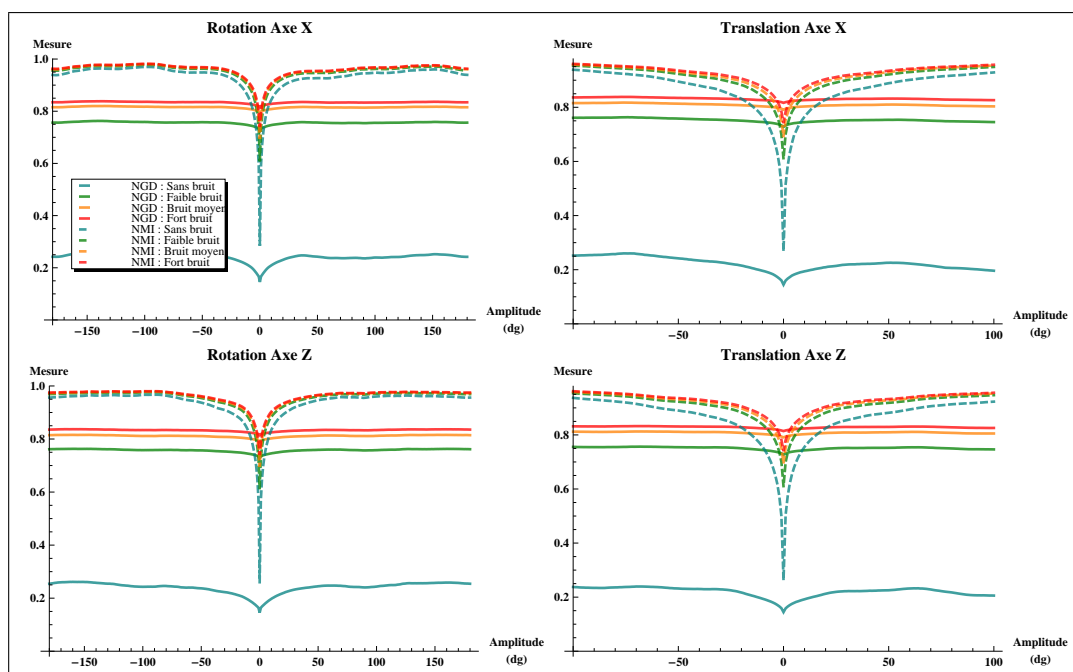


Figure 3.8 Mesures de similarité : comparaison des mesures de similarité NMI et NGD avec le Fantôme

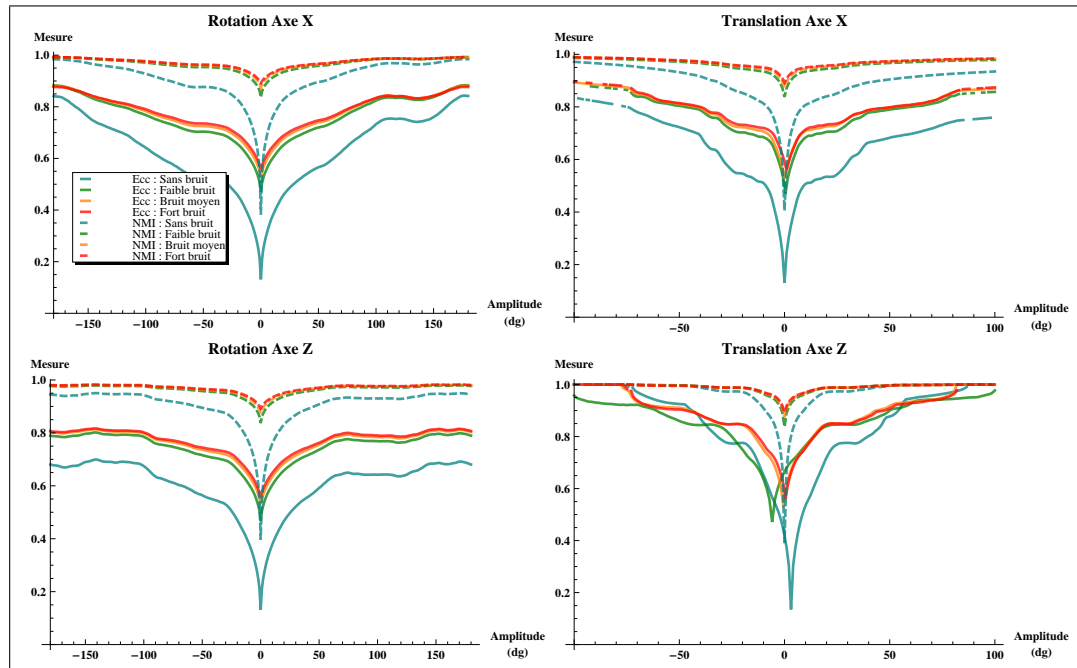


Figure 3.9 Mesures de similarité : comparaison des mesures de similarité NMI et ECC avec les MAPCAs-2

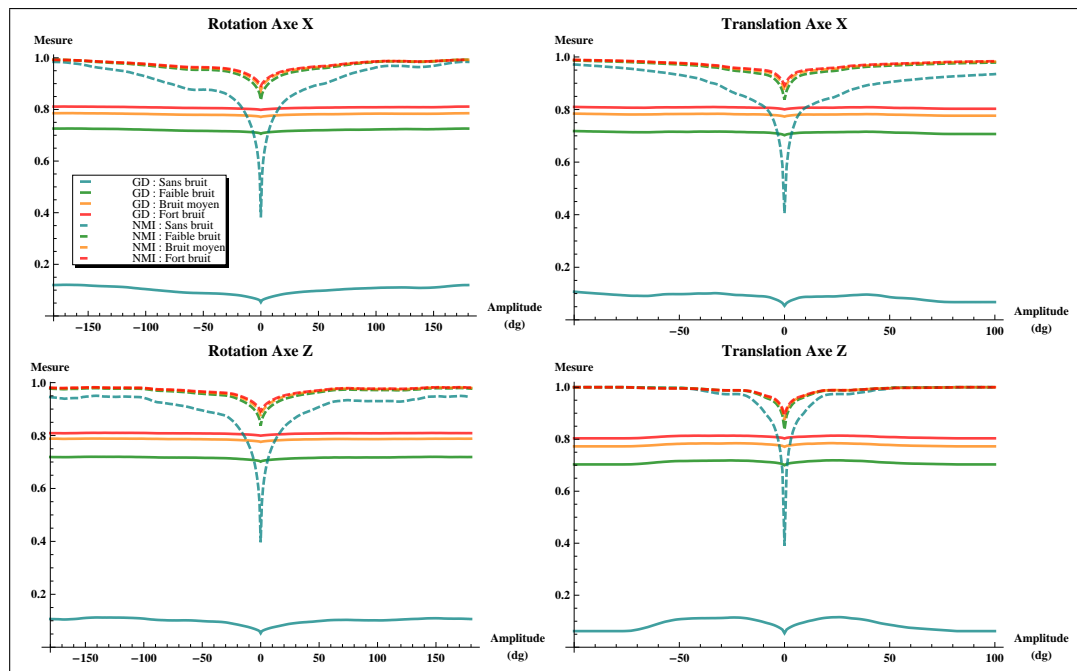


Figure 3.10 Mesures de similarité : comparaison des mesures de similarité NMI et NGD avec les MAPCAs-2

### 3.3.2 Recalage des données tomographiques

Les figures (3.12 - 3.13), (3.14, 3.15) et (3.16, 3.17) présentent, sous forme de diagrammes en boîte, les résultats du recalage par intensité dans le contexte de l'alignement initiale des données tomographiques. Comme définis à la section 2.4.2.2, les paramètres testés sont : **(A)** Amplitudes maximales des transformations, **(B)** Mesures de similarité, **(C)** Repères de définition des transformations, **(D)** Formalismes des transformations, **(E)** Algorithmes d'optimisation. Parmi tous les paramètres, le plus important est **(A)** l'amplitude maximale des transformations car il définit un seuil à partir duquel le recalage a des chances de converger. En d'autres termes, il représente la précision avec laquelle les données tomographiques 3D doivent être amenées autour de la pose recherchée. Dans cette section, nous avons choisi de montrer les cas pertinents qui permettent de comparer les quatre autres paramètres **(B, C, D, E)** en fonction de **(A)** l'amplitude des transformations. En conséquences, l'amplitude maximale retenue est de 30mm pour les translations et 30° pour les rotations avec le jeu de données du fantôme, 20mm et 20° avec les deux jeux de MAPCAs. L'annexe III détaille tous les résultats sous forme de tableaux. Le premier duo de figures (3.12 - 3.13) sont les résultats avec le fantôme, le second (3.14 - 3.15) et le troisième (3.16 - 3.17) avec les MAPCAs. Dans chaque figure, les 9 graphes des diagrammes en boîte qui se trouvent se lisent de la façon suivante. Horizontalement, l'influence des paramètres : **(C)** Repère de définition de la transformations ( $\mathcal{R}_a, \mathcal{R}_p$ ) et **(D)** Formalisme des transformations (TR, IH) est décrite. Verticalement, celle des mesures de similarité ( $NMI, ECC, GD$ )<sup>2</sup>. Enfin, les résultats des alignements obtenus avec l'algorithme *Hill Climbing* sont en vert, le *Dense Hill Climbing* en orange et le L-BFGS en rouge. Dans les diagrammes en boîtes, le nombre d'alignements marginaux n'est pas considéré mais apparaît en abscisse à côté du nom de chaque algorithme. Interpréter les résultats est complexe car beaucoup de paramètres sont en jeu. Afin de faciliter leur interprétation, les discussions sont dans un premier temps menées paramètre par paramètre.

Comme le précisent les tableaux de l'annexe III, les erreurs de recalage dépendent principalement de **(A)** l'amplitude des translations et des rotations à retrouver. Avec le fantôme, la

2. Dans les graphiques, la mesure de similarité de la différence des gradients *NGD* est notée *GD*

pose des données tomographiques est estimée avec une très grande précision et robustesse jusqu'à une amplitude maximale de 30mm pour les translations et 30° pour les rotations. Avec les meilleures combinaisons de paramètres (**B**, **C**, **D**, **E**) détaillées dans points suivants, 99 % des transformations rigides ont été estimées avec précision. Concernant les deux jeux de MAP-CAs, une amplitude de 10mm pour les translations et 10° pour les rotations est perdue pour des résultats similaires.

Concernant les mesures de similarité (**B**), les résultats confirment que la méthode employée pour normaliser la différence des gradients  $GD$  est mauvaise. Comme le montre la figure 3.11 avec le fantôme, le nombre d'alignements marginaux avec le  $NGD$  a tendance à rapidement croître avec l'amplitude des transformations. Dans le pire scénario, le nombre d'alignements marginaux est supérieur à 50 % des essais alors qu'il reste inférieur à 30 % avec les deux autres mesures. À l'inverse, l'information mutuelle normalisée  $NMI$  et le coefficient de corrélation entropique  $ECC$  fonctionnent mieux et permettent des recalages précis. Bien qu'ils paraissent équivalents, le nombre d'alignement marginaux obtenus avec le coefficient  $ECC$  est légèrement plus faible qu'avec la mesure  $NMI$ , comme le montrent les figures 3.13, 3.15 et 3.17 avec le fantôme et les deux jeux de MAPCAs.

Pour ce qui est de la définition de la transformation rigide et de l'ordre des paramètres de recalage, (**C**) le repère de définition de la transformation  $\mathcal{R}_p$  associé (**D**) au formalisme  $TR$  présentent les meilleures performances en termes de robustesse et de précision des alignements et ceci quels que soient les mesures ou les algorithmes d'optimisations employés. Dans la figure 3.13, ce sont les 3 graphes formant la colonne centrale. Cependant, ce comportement se dégrade avec les données tomographiques réelles où l'influence de ces paramètres sur les erreurs de recalage est aléatoire, cf. figures 3.15 et 3.17. Néanmoins, le repère  $\mathcal{R}_p$  et le formalisme  $TR$  associés au coefficient de corrélation entropique  $ECC$  forment le groupe de paramètres (**B**, **C**, **D**) qui offre toujours les meilleurs résultats et ce quel que soient les données.

Bien que plus rapide, (**E**) l'algorithme dérivatif L-BFGS est moins précis que les approches itératives. Avec le fantôme, la moyenne des erreurs  $TRE_{3D}$  des recalages avec L-BFGS est de

l'ordre du millimètre alors qu'elle est 10 à 100 fois plus faible avec les algorithmes itératifs et ceci quels que soient les autres paramètres (**A**, **B**, **C**, **D**), cf. figure 3.13. Avec le premier jeu de MAPCAs, les conclusions sont identiques si l'amplitude des transformations est égale à 10mm pour les translations et  $10^\circ$  pour les rotations. Au delà, ce n'est plus vrai et les erreurs sont plus importantes, cf. figures 3.15. Le même comportement est observé avec le second jeu de MAPCAs même si, comme le montre la figure 3.17, les erreurs  $TRE_{2D}$  et  $TRE_{3D}$  sont en moyenne plus importantes. De même, l'algorithme L-BFGS est aussi moins robuste et le nombre d'alignements marginaux peut dépasser 50 % des essais, cf. figures 3.16 et 3.17. A contrario, les algorithmes itératifs *Hill Climbing* et le *Dense Hill Climbing* sont plus fiables et présentent des caractéristiques semblables en termes de robustesse et de précision. Ces schémas de recherche relativement simples sont adaptés au recalage rigide par intensité. Néanmoins, alors que le second algorithme est plus performant avec les données synthétiques, le *Hill Climbing* offre de meilleurs résultats avec les données réelles. Si ce comportement est bel et bien causé par les données tomographiques, il peut être expliqué par le fait que les données réelles étant de moins bonne qualité que celles synthétiques, les mesures de similarité présentent plus de faux optimums locaux. Comme le *Dense Hill Climbing* évalue plus de transformations rigides pour converger, il est paradoxalement plus à même de rencontrer un faux minima et au final, de diverger. Enfin, bien que la vitesse de convergence des algorithmes d'optimisation soit aussi fonction de l'amplitude des transformations, les résultats montrent que les algorithmes *Hill Climbing* et *Dense Hill Climbing* sont deux et trois fois plus lents que le L-BFGS.

La méthode de recalage rigide 3D-2D par intensité développée est très prometteuse pour aligner les données tomographiques 3D pré-opératoires de MAPCAs avec des angiographies 2D intra-opératoires. Avec la meilleure combinaison de paramètres :

- (B) Le coefficient de corrélation entropique  $ECC$  de Astola et Virtanen (1982) comme mesure de similarité
- (C) Le repère du plan de projection de référence  $\mathcal{R}_p$  pour définir la transformation rigide
- (D) Le formalisme TR pour les paramètres de transformation
- (E) L'algorithme *Hill Climbing* de Hooke et Jeeves (1961)

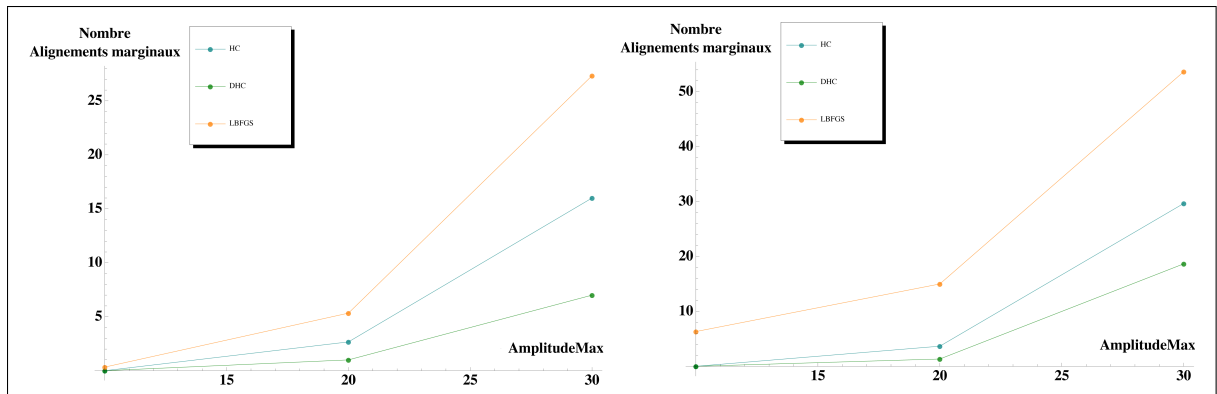


Figure 3.11 Recalage par intensité : nombre d’alignements marginaux en fonction de l’amplitude maximales des transformations pour la mesure *NMI* (à gauche) et le *NGD* (à droite) avec le fantôme

Le premier jeu de MAPCAs a été aligné avec une grande précision et pour des transformations rigides d’amplitude maximale de 20mm pour les translations et 20° pour les rotations, cf. tableaux A III-4. Le nombre d’alignements marginaux reste inférieur à 1 % et les erreurs  $TRE_{3D}$  pour des amplitudes des transformations maximales de 10 et 20 millimètres et degrés sont respectivement égales à  $0,053 \pm 0,045\text{mm}$  et  $0,236 \pm 0,607\text{mm}$ . Le second jeu de données réelles, qui est le cas le plus difficile, a été aligné avec la même confiance mais pour des transformations d’amplitude maximale de 10mm et 10° seulement, cf. tableau A III-7. Pour des transformations d’amplitude maximale de 20mm et 20°, 18 % des essais ont échoué et les erreurs  $TRE_{3D}$  atteignent  $1,453 \pm 1,952\text{mm}$ . Au final, si la méthode de recalage par intensité est correctement initialisée, elle permet de préciser avec une grande confiance l’alignement. Avec les données tomographiques synthétiques, notre méthode de recalage est aussi précise et robuste que celle développée par Wein (2003) mais, qui a été validée avec des données de tissus osseux et non vasculaires. Nos résultats confirment les conclusions de Wein (2003) quant au fait que les algorithmes itératifs sont plus appropriés que ceux dérivatifs pour aligner les données tomographiques. Ainsi, la technique d’alignement développée est sans doute en mesure de fonctionner avec des tissus osseux.

Néanmoins, la méthode de recalage développée suppose que les structures dans les angiographies sont les mêmes que celles représentées par les données tomographiques. Cette hypothèse

est pour le moment difficile à vérifier à cause de la nature des tissus à recalcr. Compte tenu des problèmes de diffusion de l'agent de contraste dans le réseau vasculaire, il est difficile d'avoir une image réelle représentant toute la structure d'intérêt. De plus, même si une telle image est disponible, il faut être en mesure de la segmenter pour ne conserver que l'aorte et les MAPCAs. Or, les conditions d'acquisition font que les angiographies présentent peu de contraste et les résultats d'une segmentation automatique sont moins fiables que ceux d'une segmentation manuelle. Les mêmes remarques s'appliquent aux données tomographiques même si ces dernières sont de meilleure qualité et plus fidèles aux structures vasculaires réelles. Alors que la méthode de segmentation des données CT de Rivest-Hénault *et al.* (2010) est en mesure de parfaitement retrouver l'aorte et les MAPCAs les plus grosses, elle ne fonctionne pas avec des structures plus fines. Les images 1.2a et 2.7 représentent respectivement des résultats de segmentation manuelle et automatique de MAPCAs illustrant ce point. Aussi, il est pour le moment difficile d'obtenir une angiographie représentant la même structure que celle des données tomographiques, les images par rapport auxquelles les données ont été recalées ont été simulées par des DRRs. Ce choix a été encouragé par le fait que, même si une angiographie respectant ces critères était disponible, la méthode de segmentation des données CT n'est peut être pas assez performante dans certain cas. Bien que l'étude porte sur le recalage des données tomographiques 3D avec des angiographies 2D et non leur segmentation, cette situation est loin de représenter un contexte clinique réel et confine la portée de la validation à un contexte idéal de simulation.



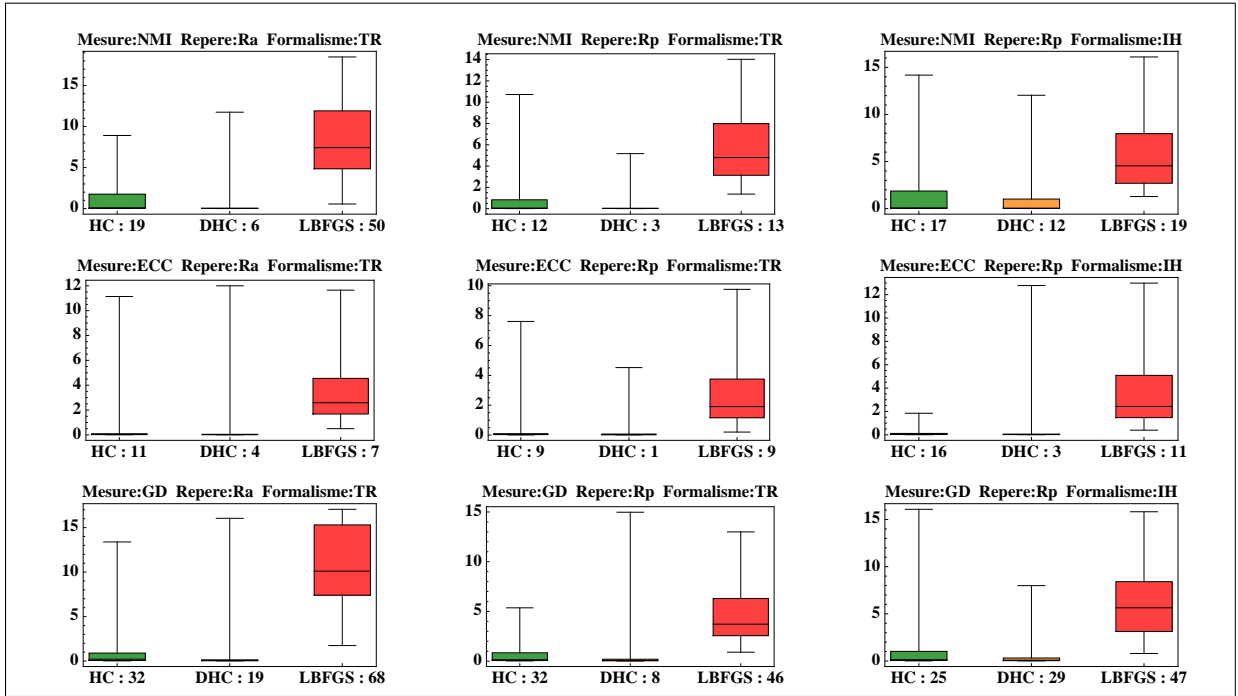


Figure 3.12 Recalage par intensité :  $TRE_{2D}$  pour des transformations d'amplitude maximale 30 avec le fantôme

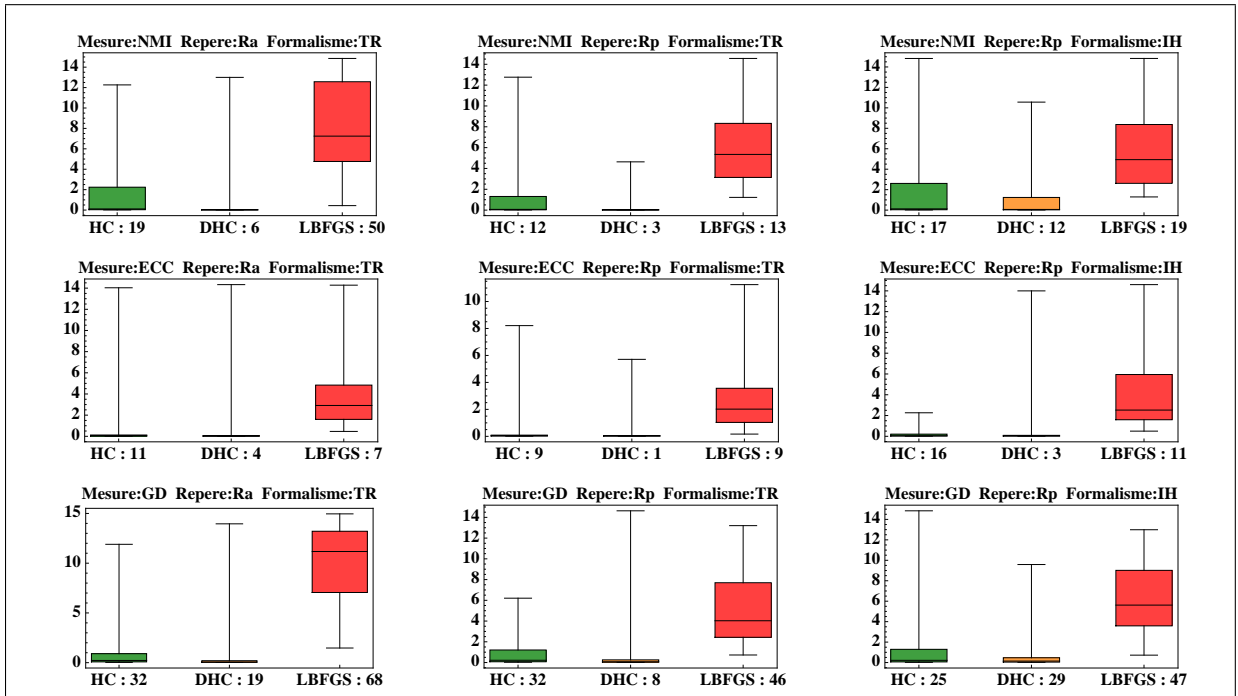


Figure 3.13 Recalage par intensité :  $TRE_{3D}$  pour des transformations d'amplitude maximale 30 avec le fantôme

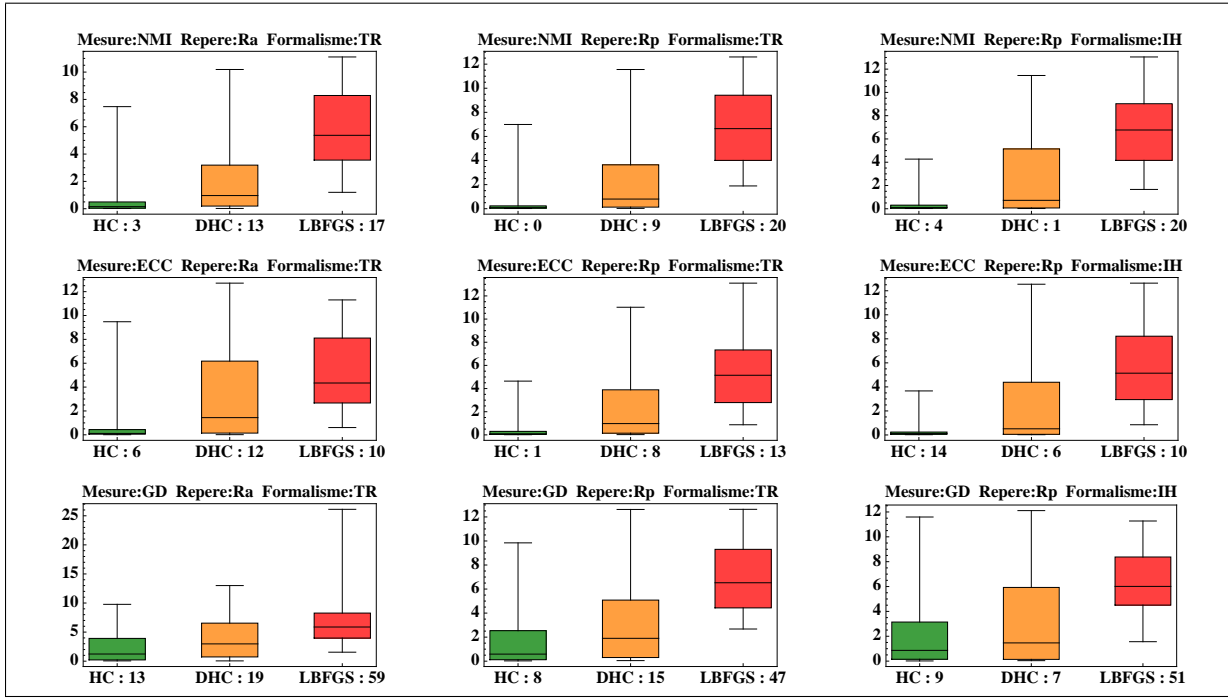


Figure 3.14 Recalage par intensité :  $TRE_{2D}$  pour des transformations d'amplitude maximale 20 avec les MAPCAs-1

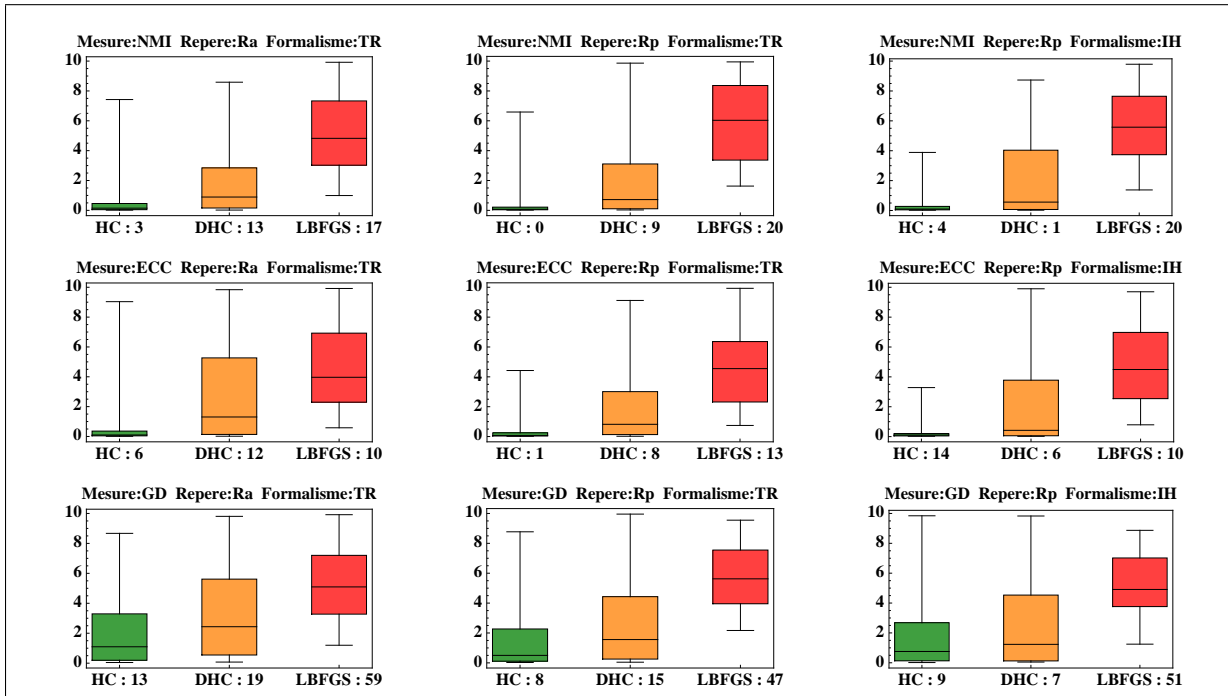


Figure 3.15 Recalage par intensité :  $TRE_{3D}$  pour des transformations d'amplitude maximale 20 avec les MAPCAs-1

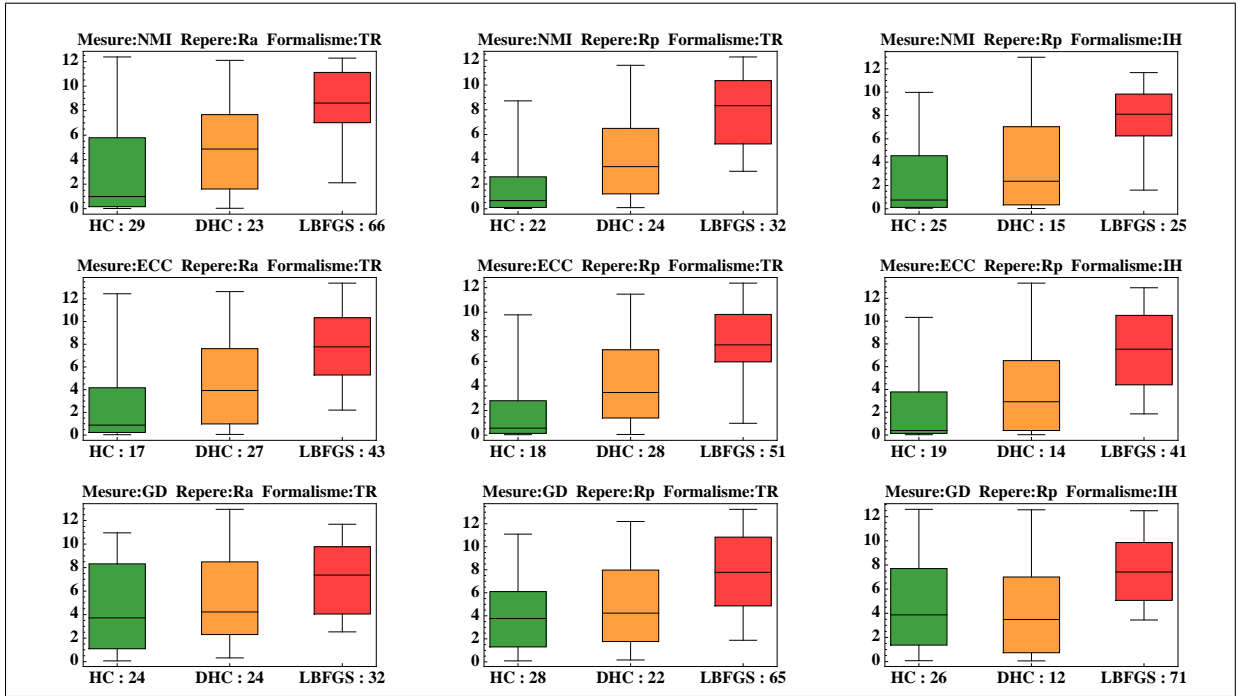


Figure 3.16 Recalage par intensité :  $TRE_{2D}$  pour des transformations d'amplitude maximale 20 avec les MAPCAs-2

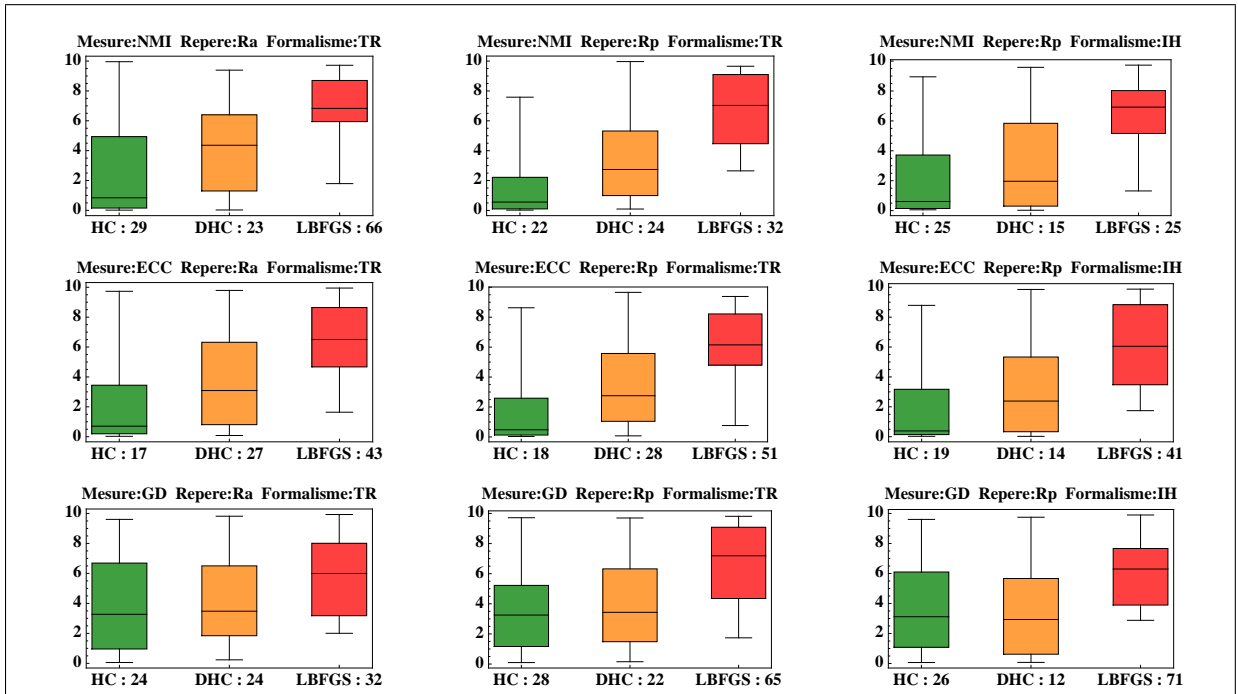


Figure 3.17 Recalage par intensité :  $TRE_{3D}$  pour des transformations d'amplitude maximale 20 avec les MAPCAs-2

### 3.4 Compensation du mouvement respiratoire

Les figures 3.18 et 3.19 présentent pour des fréquences respiratoires de plus en plus importantes les résultats de la compensation des mouvements respiratoires. Deux mouvements respiratoires de période différente ont été simulés. Dans la première figure 3.18, la période est égale à 0,83s et dans la seconde figure 3.19 elle est égale à 1,67s. Chaque figure se compose de quatre graphes. Les graphiques de gauche illustrent les résultats pour les mouvements non bruités, ceux de droite pour les mouvements bruités. Les graphiques en haut sont les mouvements d'amplitude maximale égale à 10mm, ceux du bas les mouvements d'amplitude maximale de 20mm. Enfin, les courbes en vert représentent le mouvement de référence, en orange celui compensé et les points sont les poses de référence. La différence entre les points de références représente l'erreur  $TRE_{3D}$  entre la pose réelle (en vert) et celle estimée (en orange).

Les résultats montrent que la méthode de recalage par intensité est en mesure de compenser avec une grande précision le mouvement respiratoire même si celui-ci est bruité. D'une part, le mouvement est très fidèlement suivi et aucune erreur d'alignement  $TRE_{3D}$  ne se propage au cours du temps. Cette stabilité est très intéressante car, dans un contexte réel, le patient respire en continu et il est contraignant de réinitialiser l'alignement. D'autre part, si le mouvement estimé s'éloigne du mouvement de référence, l'erreur est très rapidement corrigée et surtout, elle n'est pas propagée.

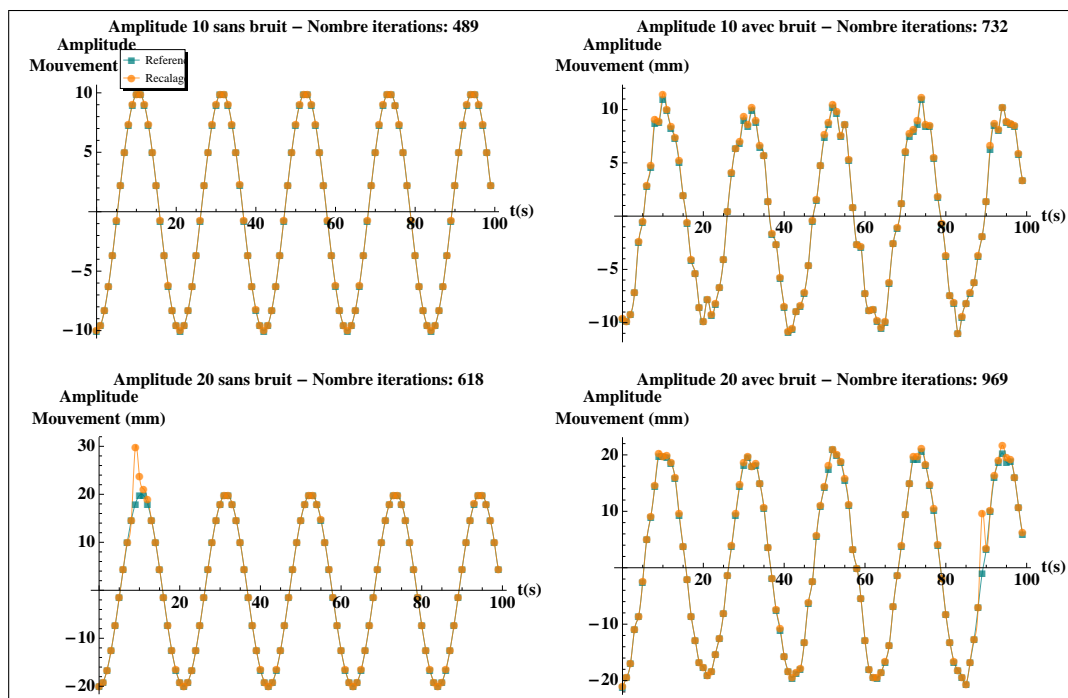


Figure 3.18 Compensation du mouvement respiratoire : première période = 0,83s avec les MAPCAs-2

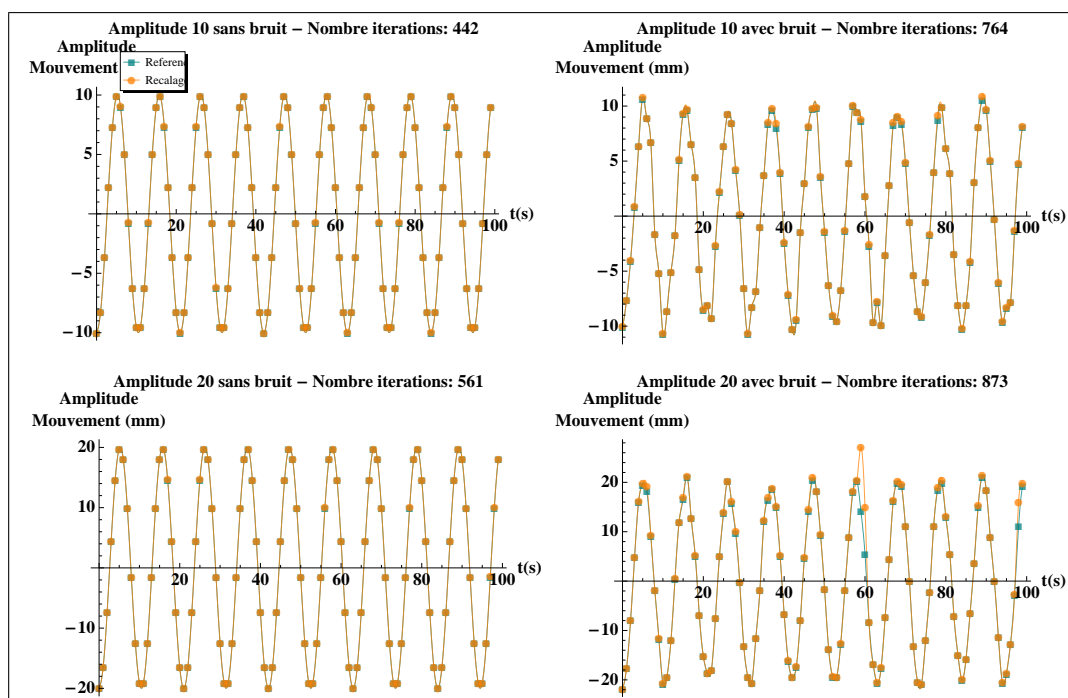


Figure 3.19 Compensation du mouvement respiratoire : seconde période = 1,67s avec les MAPCAs-2



## CONCLUSION

Ce mémoire a porté sur la conception d'une technique d'alignement de données tomographiques 3D pré-opératoires avec des angiographies 2D intra-opératoires de structures vasculaires infantiles, l'artère aorte et les MAPCAs, afin d'améliorer les interventions percutanées de ces cardiopathies congénitales cyanogènes.

Pour réaliser cet objectif, deux nouvelles méthodes de recalage rigide 3D-2D ont été développées. La première est une technique semi-automatique permettant grâce à la mise en correspondance manuelle d'un faible nombre de caractéristiques 3D-2D d'aligner les données. Cette méthode amène les données tomographiques dans le domaine de convergence du recalage par intensité et permet donc de l'initialiser. La seconde technique est le recalage automatique 3D-2D par intensité. Afin de rapidement générer des angiographies synthétiques de haute qualité, la méthode de projection de voxels vibrants (Birkfellner *et al.* (2005)) a été améliorée grâce au filtre COT (Cosman (2000)). La similarité entre les angiographies a été quantifiée via trois mesures : l'information mutuelle normalisée *NMI* et le coefficient de corrélation entropique issues de la théorie de Shannon (1948) et une normalisation de la différence des gradients *GD* de Penney *et al.* (1998). Pour conduire le recalage, trois algorithmes d'optimisation ont été employés. L'algorithme dérivatif L-BFGS (Fletcher (1970)), l'algorithme itératif *Hill Climbing* (Wein (2003)) et le *Dense Hill Climbing* proposé dans ce mémoire. Cette version modifiée du *Hill Climbing* évalue plus de poses possible autour de la pose 3D courante des données tomographiques. Cela a pour effet de densifier l'espace de recherche et donc d'augmenter la probabilité de trouver la vraie pose des données pré-opératoires.

Les mesures de précision et de robustesse de la méthode ont été conduites avec trois jeux de données tomographiques dont deux cliniques de MAPCAs. Les résultats montrent que parmi les trois mesures de similarité employées, le coefficient de corrélation entropique *ECC* est la plus performante. Concernant les algorithmes d'optimisation, le L-BFGS a beaucoup divergé alors que les approches itératives, le *Hill Climbing* et le *Dense Hill Climbing*, se sont bien comportées. Dans des conditions expérimentales optimales et avec deux jeux de données

tomographiques distincts, la méthode de recalage développée s'est montrée en mesure de retrouver avec confiance de 99% et une précision sous millimétrique des transformations rigides d'amplitude maximale égale à 20mm pour les translations et 20° pour les rotations. Enfin, un mouvement respiratoire simulé a pu être compensé avec succès par la méthode proposée. La contribution de notre recherche se situe à deux niveaux. Le premier est d'avoir montré que le recalage de données tomographiques 3D avec des angiographies 2D de malformations congénitales telles que les MAPCAs est possible malgré la très faible dimension de ces structures vasculaires. Le second est le développement d'une nouvelle technique de recalage qui, dans des conditions optimales, permet d'aligner les données avec une précision sous millimétrique. Si les hypothèses établies à la section 2.4.2.4 quant à l'amplitude des déplacements des structures vasculaires infantiles sont vérifiées, cette méthode est également en mesure de compenser, de façon automatique, le mouvement respiratoire durant l'intervention.

Bien que les résultats soient prometteurs, la méthode de recalage par intensité proposée a été validée dans un contexte de simulation loin de représenter les conditions cliniques d'une intervention percutanée réelle. Dans celles-ci, l'agent de contraste qui permet de révéler les structures vasculaires dans les angiographies se diffuse dans le sang au cours de l'acquisition. Ainsi, il est rare que les structures présentes dans les angiographies intra-opératoires concordent avec celles des données tomographiques pré-opératoires. De plus, le recalage précis des données réelles demande de considérer les déformations élastiques des structures vasculaires, ce qui est un problème beaucoup plus complexe que celui étudié. Pour compléter cette étude, il faut d'abord préciser les caractéristiques, dans des conditions cliniques réelles, de la méthode de recalage par intensité développée. Cela demande de poursuivre les tests avec un plus grand nombre de jeux de données de MAPCAs et d'utiliser des angiographies réelles. Si l'emploi d'images réelles reste problématique, il est possible de suivre le protocole développé par Turgeon *et al.* (2005) pour simuler des angiographies réelles à partir de DRRs.

- (1) La DRR est d'abord générée à partir des données tomographiques pré-opératoires.



- (2) Elle est ensuite mélangée avec une image de fond pour simuler une angiographie réelle. L' image de fond est une angiographie réelle acquise sans agent de contraste de telle sorte qu'elle contienne toutes les structures sensibles aux rayons X sauf celles d'intérêt.
- (3) Enfin, la structure d'intérêt est segmentée dans les angiographies (Chan et Vese (2001) ou Li *et al.* (2008)). Puisqu'au final seul le résultat de la segmentation compte, la même image de fond peut être employée pour les deux vues dans le cas d'un recalage bi-plan.

Afin d'améliorer la méthode de recalage par intensité proposée, il faut avant tout prendre en considération les effets de la diffusion de l'agent de contraste lors des acquisitions. Pour cela, il faut dans un premier temps que la segmentation des données tomographiques pré-opératoires soit en mesure de produire un modèle 3D fidèle de la structure vasculaire. Les MAPCAs étant des artères très fines, seule une segmentation manuelle réalisée par un cardiologue peut pour le moment atteindre la précision nécessaire. Dans un second temps, il faut inclure dans la technique de recalage le fait que les structures dans les angiographies ne sont peut être pas les mêmes que celles des données tomographiques segmentées. Dans leurs travaux portant sur le recalage non-rigide de structures vasculaires abdominales et rénales, Bender (2007) et Groher *et al.* (2007) proposent de lier la segmentation des radiographies avec le recalage afin d'améliorer chaque opération en fonction de l'autre. Bien que ces techniques semblent être les plus intéressantes dans la littérature pour prendre en compte le phénomène de diffusion, elles supposent néanmoins que la différence entre les structures présentes dans les données ne soit pas trop importante. Une autre solution serait de fixer à des moments clés où l'aorte et les MAPCAs sont visibles l'acquisition des angiographies. La diffusion de l'agent sensible étant provoquée par le battement cardiaque dont le cycle de contraction-dilatation peut être connu grâce au signal électrocardiographique, il est a priori possible de déterminer les instants dans le cycle où l'agent de contraste est présent dans les structures d'intérêt. Néanmoins, cette solution contraint la liberté d'action du cardiologue qui normalement choisit lui même le moment propice pour injecter l'agent sensible. Enfin, prendre en compte les déformations élastiques de l'aorte et des MAPCAs dans la méthode de recalage par intensité nécessite avant tout de connaître ces mouvements. En ce qui concerne l'aorte, de tels modèles de mouvements existent (Gao et Matsuzawa (2006)) mais ce n'est pas le cas pour les MAPCAs, cette patholo-

gie étant rare. Ensuite, il faut pouvoir déformer de façon locales les données tomographiques segmentées. (Groher *et al.* (2009)) apportent les bases d'une telle méthode qui exploite, en plus de l'intensité, des points caractéristiques pour déformer la structure 3D.

## ANNEXE I

### CALCUL DE L'ENTROPIE ET DE L'ENTROPIE JOINTE

L'histogramme d'une image en niveaux de gris associe à chaque intensité  $m \in [0..255]$  de l'image le nombre de pixels possédant cette intensité. En d'autres termes, l'histogramme, s'il est normalisé, représente la probabilité qu'un pixel ait une certaine intensité, cf. équation (I.1). Il suffit alors de prendre la densité de probabilité définie pour calculer l'entropie  $E(I)$  d'une image  $I$  exprimée en bits/intensité.

$$p(m) = \frac{hist(m)}{h \cdot w}, m \in [0, 255] \quad \sum_{m=0}^{255} p(m) = 1 \quad E(I) = - \sum_{m=0}^{255} p(m) \cdot \log_2 p(m) \quad (I.1)$$

Alors que l'entropie  $E(I)$  d'une image  $I$  représente la quantité d'information qu'elle contient, l'entropie jointe  $E(I_{DRR}, I_{Ang})$  indique la quantité de même information que les deux images  $(I_{DRR}, I_{Ang})$  partagent. La distribution de probabilité jointe entre deux images  $(I_{DRR}, I_{Ang})$  est calculée par leur histogramme joint. Celui-ci exprime, après normalisation, la probabilité qu'un pixel de coordonnées  $(i, j)$  et d'intensité  $m$  dans la première image  $I_{DRR}$  soit d'intensité  $n$  dans la seconde. C'est un histogramme 2D de dimensions  $256 \times 256$ , cf. équation (I.2) et figure A I-1.

$$hist(m, n) = \sum_{j=0}^{h-1} \sum_{i=0}^{w-1} (1 \text{ si } I_{DRR}(i, j) = m \text{ et } I_{Ang}(i, j) = n, 0 \text{ sinon}) \quad (I.2)$$

Comme l'entropie, l'entropie jointe est calculée à partir de la densité de probabilité de l'histogramme joint, cf. équation I.3.

$$p(m, n) = \frac{hist(m, n)}{\sum_{m=0}^{255} \sum_{n=0}^{255} hist(m, n)} \quad E(I_{DRR}, I_{Ang}) = - \sum_{m=0}^{255} \sum_{n=0}^{255} p(m, n) \cdot \log_2 p(m, n) \quad (I.3)$$

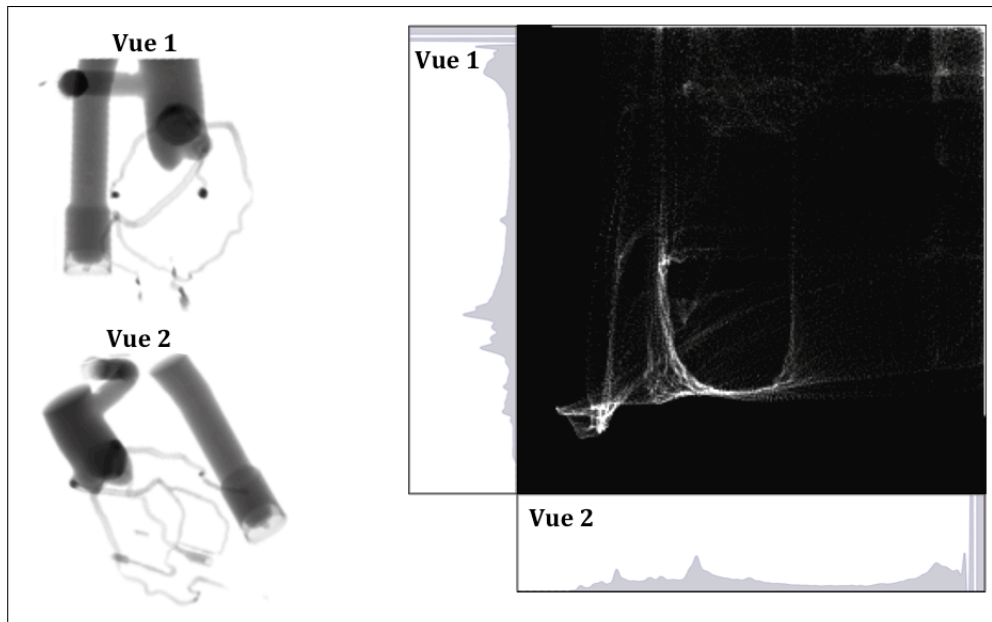


Figure A I-1 Exemple d'histogramme joint entre deux radiographies synthétiques

## ANNEXE II

### THÉORIE DES CONTRAINTES PROJECTIVES

Les contraintes projectives définissent un système d'équation quadratique non linéaire permettant de calculer la transformation rigide recherche, cf. section 2.2. Cette annexe apporte les preuves d'existence et d'unicité de la solution au système. La mise en correspondance 3D-2D entre les points 3D sommets du triangle  $T$  dans les données tomographiques et les pixels 2D formant la base de la pyramide  $P_r$  dans l'angiographie est supposée parfaite. Le triangle  $T$  ainsi que le triangle formant la base de la pyramide  $P_r$  sont quelconques et peuvent même présenter des symétries. Soient  $(\mathbf{s}_1, \mathbf{s}_2, \mathbf{s}_3)$  les sommets du triangle  $T$ ,  $(\mathbf{p}_{c_1}, \mathbf{p}_{c_2}, \mathbf{p}_{c_3})$  les points courants le long des segments (rayons) de projection, *i.e.* les cotés de la pyramide  $P_r$  et  $\mathbf{p}_o$  la position de la source. Enfin, soient  $\{ (\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) \in [0, 1]^3 \}$  les scalaires qui paramètrent les points  $(\mathbf{p}_{c_1}, \mathbf{p}_{c_2}, \mathbf{p}_{c_3})$  le long de leurs segments respectifs :

$$\begin{cases} \mathbf{p}_{c_1} = (1 - \lambda_1) \cdot \mathbf{p}_o + \lambda_1 \cdot \mathbf{p}_1 \\ \mathbf{p}_{c_2} = (1 - \lambda_2) \cdot \mathbf{p}_o + \lambda_2 \cdot \mathbf{p}_2 \\ \mathbf{p}_{c_3} = (1 - \lambda_3) \cdot \mathbf{p}_o + \lambda_3 \cdot \mathbf{p}_3 \end{cases} \quad (\text{II.1})$$

Inclure  $T$  dans  $P_r$  revient donc à trouver les position des sommets  $(\mathbf{s}_1, \mathbf{s}_2, \mathbf{s}_3)$  le long des rayons  $(\mathbf{p}_o\mathbf{p}_1, \mathbf{p}_o\mathbf{p}_2, \mathbf{p}_o\mathbf{p}_3)$ , *i.e.* le triplet  $(\mathbf{p}_{c_1}, \mathbf{p}_{c_2}, \mathbf{p}_{c_3})$  tel que :

$$\mathbf{p}_{c_1} \equiv \mathbf{s}_1 \quad \mathbf{p}_{c_2} \equiv \mathbf{s}_2 \quad \mathbf{p}_{c_3} \equiv \mathbf{s}_3 \quad (\text{II.2})$$

Même si le système présente des symétries (les triangles sont isocèles ou équilatéraux), les coordonnées du triplet solution restent inchangées. Soient  $(l_{12}, l_{13}, l_{23})$  et  $(\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3)$  les distances et angles respectives entre les sommets  $(\mathbf{s}_1, \mathbf{s}_2, \mathbf{s}_3)$ . Soient les caractéristiques  $(b_1, b_2, b_3)$

qui intègrent les informations sur les cotés et les angles du triangle T.

$$\begin{cases} b_1 = \|\overrightarrow{s_1 s_2}\| \cdot \|\overrightarrow{s_1 s_3}\| = l_{12} \cdot l_{13} \cdot \cos(\alpha_1) \\ b_2 = \|\overrightarrow{s_2 s_1}\| \cdot \|\overrightarrow{s_2 s_3}\| = l_{12} \cdot l_{23} \cdot \cos(\alpha_2) \\ b_3 = \|\overrightarrow{s_3 s_1}\| \cdot \|\overrightarrow{s_3 s_2}\| = l_{13} \cdot l_{23} \cdot \cos(\alpha_3) \end{cases} \quad (\text{II.3})$$

On pose maintenant comme point de référence la source radiographique pour simplifier les calcul,  $\mathbf{p}_0 = (0, 0, 0)^\top$ <sup>1</sup> et on définit le système suivant :

$$\begin{cases} \|\overrightarrow{\mathbf{p}_{c_1} \mathbf{p}_{c_2}}\| \cdot \|\overrightarrow{\mathbf{p}_{c_1} \mathbf{p}_{c_3}}\| = \lambda_1^2 \cdot \|\mathbf{p}_1\|^2 - \lambda_1 \cdot \lambda_2 \cdot \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_2 + \lambda_2 \cdot \lambda_3 \cdot \mathbf{p}_2 \cdot \mathbf{p}_3 - \lambda_1 \cdot \lambda_3 \cdot \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_3 \\ \|\overrightarrow{\mathbf{p}_{c_2} \mathbf{p}_{c_1}}\| \cdot \|\overrightarrow{\mathbf{p}_{c_2} \mathbf{p}_{c_3}}\| = \lambda_2^2 \cdot \|\mathbf{p}_2\|^2 - \lambda_1 \cdot \lambda_2 \cdot \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_2 - \lambda_2 \cdot \lambda_3 \cdot \mathbf{p}_2 \cdot \mathbf{p}_3 + \lambda_1 \cdot \lambda_3 \cdot \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_3 \\ \|\overrightarrow{\mathbf{p}_{c_3} \mathbf{p}_{c_1}}\| \cdot \|\overrightarrow{\mathbf{p}_{c_3} \mathbf{p}_{c_2}}\| = \lambda_3^2 \cdot \|\mathbf{p}_3\|^2 + \lambda_1 \cdot \lambda_2 \cdot \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_2 - \lambda_2 \cdot \lambda_3 \cdot \mathbf{p}_2 \cdot \mathbf{p}_3 - \lambda_1 \cdot \lambda_3 \cdot \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_3 \end{cases} \quad (\text{II.4})$$

Des équations (II.2), on tire que les systèmes (II.3) et (II.4) sont égaux. Il est possible de remanier le système en additionnant les équations entre-elles et former le système (II.5) :

$$\begin{cases} b_1 + b_2 = \lambda_1^2 \cdot \|\mathbf{p}_1\|^2 + \lambda_2^2 \cdot \|\mathbf{p}_2\|^2 - 2 \cdot \lambda_1 \cdot \lambda_2 \cdot \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_2 \\ b_1 + b_3 = \lambda_1^2 \cdot \|\mathbf{p}_1\|^2 + \lambda_3^2 \cdot \|\mathbf{p}_3\|^2 - 2 \cdot \lambda_1 \cdot \lambda_3 \cdot \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_3 \\ b_2 + b_3 = \lambda_1^2 \cdot \|\mathbf{p}_2\|^2 + \lambda_3^2 \cdot \|\mathbf{p}_3\|^2 - 2 \cdot \lambda_2 \cdot \lambda_3 \cdot \mathbf{p}_2 \cdot \mathbf{p}_3 \end{cases} \quad (\text{II.5})$$

Enfin, en posant  $\{ a_{ii} = \|\mathbf{p}_i\|^2, i \in [1, 2, 3] \}$ ,  $\{ a_{ij} = \mathbf{p}_i \cdot \mathbf{p}_j, (i, j) \in [1, 2, 3]^2, i \neq j \}$  et  $\{ b_{ij} = b_i + b_j, (i, j) \in [1, 2, 3]^2, i \neq j \}$  on définit le système final (II.6) :

$$\begin{cases} b_{12} = a_{11} \cdot \lambda_1^2 + a_{22} \cdot \lambda_2^2 - 2 \cdot a_{12} \cdot \lambda_1 \cdot \lambda_2 \\ b_{13} = a_{11} \cdot \lambda_1^2 + a_{33} \cdot \lambda_3^2 - 2 \cdot a_{13} \cdot \lambda_1 \cdot \lambda_3 \\ b_{23} = a_{22} \cdot \lambda_2^2 + a_{33} \cdot \lambda_3^2 - 2 \cdot a_{23} \cdot \lambda_2 \cdot \lambda_3 \end{cases} \quad (\text{II.6})$$

---

1. En pratique, la connaissance de la géométrie de projection, *i.e.* celle du système C-Arm le permet.

Le triplet  $\{ (\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) \in [0, 1]^3 \}$  solution de ce système définit les nouvelles positions des points 3D  $\mathbf{p}_{c_1}, \mathbf{p}_{c_2}, \mathbf{p}_{c_3}$  sommets de T dans  $P_r$ . Connaissant la position 3D des sommets du triangle par rapport aux deux poses, on peut calculer la transformation rigide 3D entre celles-ci. L'intérêt majeur des contraintes projectives est de ramener le problème de recalage 3D-2D à un problème de recalage 3D-3D ou il faut trouver la position d'un triangle dans une pyramide. Chaque équation est une forme quadratique de dimension 2 à valeur dans un plan  $(\lambda_i, \lambda_j), i \neq j$ , c'est à dire une conique. Leur forme matricielle  $M_{ij}$  permet de connaître la nature de la conique par le calcul du déterminant de  $M_{ij}$ ,  $\det(M_{ij})$ .

$$M_{ij} = \begin{pmatrix} a_{ii} & -a_{ij} \\ -a_{ij} & a_{jj} \end{pmatrix} \quad (\text{II.7})$$

$$\det(M_{ij}) = a_{ii} \cdot a_{jj} - a_{ij}^2 \quad (\text{II.8})$$

Si le déterminant est positif, alors il s'agit d'une ellipse ou de l'ensemble vide (un point), s'il est nul d'une parabole, sinon d'une hyperbole. Dans notre cas, on peut prouver que le déterminant est toujours positif grâce au théorème de Cauchy-Schwarz<sup>2</sup>.

$$a_{ii} \cdot a_{jj} - a_{ij}^2 = (\|\mathbf{p}_i\| \cdot \|\mathbf{p}_j\|)^2 - (\mathbf{p}_i \cdot \mathbf{p}_j)^2 \quad (\text{II.9})$$

$$\|\mathbf{p}_i\| \cdot \|\mathbf{p}_j\| > |\mathbf{p}_i \cdot \mathbf{p}_j| \Rightarrow \det(M_{ij}) > 0 \quad (\text{II.10})$$

De plus, il est possible montrer que puisque les scalaires  $b_{ij}$  ne sont pas nuls, aucune équation de II.6 n'est celle d'un point et les coniques non dégénérées. Ainsi le système final est formé de trois ellipses, chacune à valeur dans un plan  $(\lambda_i, \lambda_j), i \neq j$ . La solution du système est le triplet  $(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3)^T$  permettant de passer cycliquement d'une ellipse à l'autre.

Prouver analytiquement l'existence de solutions du système (II.6) est complexe et pour le moment non résolue. Nous apportons cependant une preuve détournée en nous basant sur la géométrie du recalage et les propriétés de la projection radiographique. Le triangle T subit une transformation rigide et conserve donc sa géométrie. La pyramide  $P_r$ , dans laquelle on cherche

---

2. Seul l'inégalité stricte pour II.10 est considérée car les deux vecteurs  $(\mathbf{p}_i, \mathbf{p}_j)$ , en prenant comme référence  $\mathbf{p}_o$ , ne peuvent pas être colinéaires. Le modèle de projection est perspectif et les points  $\mathbf{p}_i$  sont distincts.

à inscrire  $T$  après qu'il est bougé, est définie à partir d'une mise en correspondance 3D-2D entre les sommets 3D de  $T$  et les pixels associés sur l'angiographie. D'une part, il existe une pose pour  $T$  par rapport à la seconde angiographie puisque le triangle de base de  $P_r$  y est défini et d'autre part, les sommets de  $T$  doivent se trouver le long des cotés de  $P_r$ , rayons de projection. Ainsi, il existe bien au moins une position telle que  $T$  est inscrit dans la pyramide  $P_r$  et le système (II.6) possède bien des solutions.

Les équations du système étant des formes quadratiques 2D, deux solutions sont possibles pour chaque paramètre :  $\lambda_{si}$  et  $\lambda'_{si}$ , ce qui donne, au final,  $2^3 = 8$  combinaisons parmi lesquelles se trouve la vraie. Pour démontrer l'unicité de la solution, on prouve que si deux triplets sont solutions, alors la géométrie du problème est contraire aux hypothèses et est absurde. Soient  $(\lambda_{s1}, \lambda_{s2}, \lambda_{s3})^T$  et  $(\lambda'_{s1}, \lambda'_{s2}, \lambda'_{s3})^T$  les deux triplets dont les combinaisons sont solutions avec  $(\lambda_{s1} \neq \lambda'_{s1}, \lambda_{s2} \neq \lambda'_{s2}, \lambda_{s3} \neq \lambda'_{s3})$ . Compte tenu de la symétrie du problème, on ne détaille que les calculs pour  $\lambda_{s2}$  et  $\lambda'_{s2}$ . Du système (II.6) on tire :

$$a_{11} \cdot \lambda_{s1}^2 + a_{22} \cdot \lambda_{s2}^2 - 2 \cdot a_{12} \cdot \lambda_{s1} \cdot \lambda_{s2} = a_{11} \cdot \lambda_{s1}^2 + a_{22} \cdot \lambda_{s2}'^2 - 2 \cdot a_{12} \cdot \lambda_{s1} \cdot \lambda_{s2}' \quad (\text{II.11a})$$

$$a_{22} \cdot \lambda_{s2}^2 + a_{33} \cdot \lambda_{s3}^2 - 2 \cdot a_{23} \cdot \lambda_{s2} \cdot \lambda_{s3} = a_{22} \cdot \lambda_{s2}'^2 + a_{33} \cdot \lambda_{s3}^2 - 2 \cdot a_{23} \cdot \lambda_{s2}' \cdot \lambda_{s3} \quad (\text{II.11b})$$

$$\begin{cases} a_{22} \cdot (\lambda_{s2}^2 - \lambda_{s2}'^2) = 2 \cdot a_{12} \cdot \lambda_{s1} \cdot (\lambda_{s2} - \lambda_{s2}') \\ a_{22} \cdot (\lambda_{s2}^2 - \lambda_{s2}'^2) = 2 \cdot a_{23} \cdot \lambda_{s3} \cdot (\lambda_{s2} - \lambda_{s2}') \end{cases} \Rightarrow (\lambda_{s2} - \lambda_{s2}') \cdot (a_{12} \cdot \lambda_{s1} - a_{23} \cdot \lambda_{s3}) = 0 \quad (\text{II.12})$$

En procédant de même pour  $(\lambda_{s1}, \lambda'_{s1})$  et  $(\lambda_{s3}, \lambda'_{s3})$ , on forme le système linéaire (II.13) :

$$\begin{cases} (\lambda_{s1} - \lambda'_{s1}) \cdot (a_{12} \cdot \lambda_{s2} - a_{13} \cdot \lambda_{s3}) = 0 \\ (\lambda_{s2} - \lambda'_{s2}) \cdot (a_{12} \cdot \lambda_{s1} - a_{23} \cdot \lambda_{s3}) = 0 \\ (\lambda_{s3} - \lambda'_{s3}) \cdot (a_{13} \cdot \lambda_{s1} - a_{23} \cdot \lambda_{s2}) = 0 \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} (a_{12} \cdot \lambda_{s2} - a_{13} \cdot \lambda_{s3}) = 0 \\ (a_{12} \cdot \lambda_{s1} - a_{23} \cdot \lambda_{s3}) = 0 \\ (a_{13} \cdot \lambda_{s1} - a_{23} \cdot \lambda_{s2}) = 0 \end{cases} \quad (\text{II.13})$$

Ce système sous déterminé (la troisième équation est combinaison linéaire des deux premières) n'est pas de Cramer<sup>3</sup>. Ainsi, il existe, soit aucune solution, soit une infinité, ce qui est notre

3. Le déterminant de la matrice du système est nul.



cas. En détaillant les équations avec  $a_{ij} = \mathbf{p}_i \cdot \mathbf{p}_j$  et  $\mathbf{p}_{c_i} = \lambda_i \cdot \mathbf{p}_i$  (cf. (II.1) avec  $\mathbf{p}_0$  nul) on obtient (II.14).

$$\begin{cases} \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_2 \cdot \lambda_{s2} = \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_3 \cdot \lambda_{s3} \\ \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_2 \cdot \lambda_{s1} = \mathbf{p}_2 \cdot \mathbf{p}_3 \cdot \lambda_{s3} \\ \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_3 \cdot \lambda_{s1} = \mathbf{p}_2 \cdot \mathbf{p}_3 \cdot \lambda_{s3} \end{cases} \Leftrightarrow \begin{cases} \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_{c_2} = \mathbf{p}_1 \cdot \mathbf{p}_{c_3} \\ \mathbf{p}_2 \cdot \mathbf{p}_{c_1} = \mathbf{p}_2 \cdot \mathbf{p}_{c_3} \\ \mathbf{p}_3 \cdot \mathbf{p}_{c_1} = \mathbf{p}_3 \cdot \mathbf{p}_{c_2} \end{cases} \Leftrightarrow \begin{cases} \mathbf{p}_{c_1} = \mathbf{p}_{c_2} = \mathbf{p}_{c_3} \\ \mathbf{p}_1 \uparrow \mathbf{p}_2 \uparrow \mathbf{p}_3 \end{cases} \quad (\text{II.14})$$

L'espace des solutions se réduit à une droite puisque les vecteurs  $(\mathbf{p}_1, \mathbf{p}_2, \mathbf{p}_3)$  sont colinéaires. Si on reporte cette géométrie dans le cadre de la projection, la projection n'est plus perspective mais orthographique puisque les rayons sont tous colinéaires. Il existe donc une infinité de solution puisque tous les rayons sont parallèles. Cette géométrie étant absurde et contraire à nos hypothèses, les scalaires  $(\lambda_{si}$  et  $\lambda'_{si})$  sont deux à deux égaux et il n'existe qu'un unique triplet solution.



## ANNEXE III

### DÉTAILS DES RÉSULTATS DU RECALAGE PAR INTENSITÉ

Cette annexe détaille les résultats du recalage rigide 3D-2D par intensité développée dans ce mémoire. Il est à remarquer que les résultats des deux jeux de données de MAPCAs avec l'amplitude maximale des transformations égale à 30mm pour les translations et 30° pour les rotations sont absents. Ces cas limites ne sont pas présentés car ils n'apportent aucune information autre qu'à partir de 20mm et 20°, la méthode développée ne fonctionne plus. Enfin, les erreurs  $TRE_{2D}$  sont exprimées en pixels et non en millimètres. Pour les convertir, il faut les multiplier par 0,30064mm avec le fantôme et par 0,3mm avec les MAPCAs.

Tableau A III-1 Recalage par intensité : Résultats avec le Fantôme et la mesure de similarité NMI

NMI				Phantom				
(A)	(B)	(C)	(D)	TRE2D(ps)	TRE3D(mms)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$0.295 \pm 2.248$	$0.077 \pm 0.589$	17	0	684
			DHC	$0.085 \pm 0.198$	$0.021 \pm 0.047$	35	0	1239
			LBFGS	$7.503 \pm 4.953$	$2.462 \pm 1.570$	12	0	397
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$0.302 \pm 2.217$	$0.078 \pm 0.581$	19	0	687
			DHC	$0.059 \pm 0.025$	$0.015 \pm 0.006$	42	0	1254
			LBFGS	$7.564 \pm 4.059$	$2.707 \pm 1.661$	7	1	371
		IO	HC	$0.372 \pm 3.006$	$0.096 \pm 0.788$	18	0	678
			DHC	$0.062 \pm 0.026$	$0.015 \pm 0.006$	42	0	1211
			LBFGS	$7.339 \pm 4.638$	$1.824 \pm 1.114$	7	1	418
20	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$1.322 \pm 3.053$	$0.518 \pm 1.225$	25	2	931
			DHC	$0.199 \pm 0.884$	$0.057 \pm 0.246$	45	0	1695
			LBFGS	$10.33 \pm 6.196$	$3.308 \pm 2.101$	14	8	480
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$1.684 \pm 4.269$	$0.643 \pm 1.613$	23	5	936
			DHC	$0.276 \pm 1.711$	$0.077 \pm 0.465$	46	1	1683
			LBFGS	$11.13 \pm 5.321$	$3.735 \pm 1.978$	14	6	496
		IO	HC	$2.477 \pm 5.349$	$0.944 \pm 1.999$	24	1	988
			DHC	$0.993 \pm 2.931$	$0.397 \pm 1.179$	32	2	1708
			LBFGS	$9.413 \pm 6.220$	$3.075 \pm 1.917$	13	2	528
30	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$4.398 \pm 7.798$	$1.673 \pm 2.935$	32	19	1261
			DHC	$0.717 \pm 4.429$	$0.251 \pm 1.520$	51	6	2278
			LBFGS	$27.59 \pm 14.64$	$8.073 \pm 4.016$	10	50	296
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$3.779 \pm 8.184$	$1.417 \pm 3.022$	31	12	1284
			DHC	$0.373 \pm 1.843$	$0.105 \pm 0.504$	52	3	2259
			LBFGS	$18.39 \pm 9.523$	$5.983 \pm 3.386$	16	13	493
		IO	HC	$4.948 \pm 9.405$	$1.860 \pm 3.436$	22	17	1239
			DHC	$3.254 \pm 7.515$	$1.179 \pm 2.555$	37	12	2357
			LBFGS	$18.49 \pm 11.56$	$5.783 \pm 3.697$	15	19	491

Tableau A III-2 Recalage par intensité : Résultats avec le Fantôme et la mesure de similarité ECC

ECC				Phantom				
(A)	(B)	(C)	(D)	TRE2D(ps)	TRE3D(mms)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$0.297 \pm 2.112$	$0.077 \pm 0.556$	13	0	671
			DHC	$0.079 \pm 0.069$	$0.019 \pm 0.016$	21	0	1224
			LBFGS	$4.005 \pm 2.623$	$1.444 \pm 1.132$	9	0	352
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$0.079 \pm 0.032$	$0.019 \pm 0.008$	12	0	686
			DHC	$0.082 \pm 0.085$	$0.082 \pm 0.085$	22	0	1233
			LBFGS	$4.315 \pm 2.077$	$1.547 \pm 0.892$	10	0	363
		IO	HC	$0.395 \pm 3.110$	$0.103 \pm 0.815$	11	0	665
			DHC	$0.070 \pm 0.039$	$0.018 \pm 0.009$	21	0	1219
			LBFGS	$1.084 \pm 2.895$	$0.273 \pm 0.746$	11	0	596
20	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$0.291 \pm 0.897$	$0.107 \pm 0.348$	23	1	897
			DHC	$0.089 \pm 0.053$	$0.027 \pm 0.015$	37	0	1160
			LBFGS	$7.540 \pm 5.447$	$2.546 \pm 1.848$	13	1	444
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$0.977 \pm 4.499$	$0.243 \pm 1.093$	26	1	931
			DHC	$0.106 \pm 0.069$	$0.029 \pm 0.020$	41	1	1663
			LBFGS	$7.826 \pm 5.748$	$2.476 \pm 1.759$	14	1	472
		IO	HC	$0.670 \pm 2.971$	$0.238 \pm 1.022$	16	1	934
			DHC	$1.275 \pm 4.983$	$0.434 \pm 1.561$	29	0	1651
			LBFGS	$5.249 \pm 3.062$	$1.749 \pm 1.118$	9	1	507
30	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$1.721 \pm 6.171$	$0.595 \pm 2.146$	31	11	1269
			DHC	$0.918 \pm 4.482$	$0.302 \pm 1.562$	45	4	2343
			LBFGS	$11.27 \pm 7.960$	$0.195 \pm 0.882$	15	7	496
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$0.680 \pm 2.834$	$0.462 \pm 2.119$	26	9	1197
			DHC	$0.495 \pm 1.725$	$0.161 \pm 0.645$	43	1	2315
			LBFGS	$8.402 \pm 5.897$	$2.679 \pm 2.191$	11	9	473
		IO	HC	$0.584 \pm 1.145$	$0.229 \pm 0.439$	24	16	1213
			DHC	$1.681 \pm 6.467$	$0.626 \pm 2.329$	40	3	2277
			LBFGS	$11.53 \pm 8.514$	$3.864 \pm 3.064$	14	11	482

Tableau A III-3 Recalage par intensité : Résultats avec le Fantôme et la mesure de similarité GD

GD				Phantom				
(A)	(B)	(C)	(D)	TRE2D(ps)	TRE3D(mms)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$0.202 \pm 0.669$	$0.052 \pm 0.177$	235	0	660
			DHC	$0.236 \pm 0.991$	$0.060 \pm 0.262$	466	0	1234
			LBFGS	$5.887 \pm 4.685$	$1.948 \pm 1.555$	105	6	311
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$0.465 \pm 2.691$	$0.121 \pm 0.712$	247	0	665
			DHC	$0.471 \pm 1.553$	$0.123 \pm 0.409$	461	0	1203
			LBFGS	$6.249 \pm 4.505$	$2.039 \pm 1.425$	135	4	337
		IO	HC	$0.382 \pm 0.963$	$0.098 \pm 0.253$	271	0	651
			DHC	$0.367 \pm 1.159$	$0.096 \pm 0.308$	411	0	1203
			LBFGS	$8.533 \pm 3.972$	$1.841 \pm 1.308$	140	9	338
20	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$0.817 \pm 1.742$	$0.299 \pm 0.655$	308	2	830
			DHC	$0.338 \pm 1.114$	$0.101 \pm 0.332$	627	0	1616
			LBFGS	$11.23 \pm 5.813$	$3.349 \pm 1.679$	155	14	409
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$1.701 \pm 4.515$	$1.011 \pm 2.787$	330	3	854
			DHC	$0.624 \pm 2.681$	$0.186 \pm 0.787$	623	1	1637
			LBFGS	$12.27 \pm 7.224$	$3.660 \pm 1.997$	154	14	397
		IO	HC	$1.913 \pm 4.836$	$0.683 \pm 1.639$	330	6	850
			DHC	$0.819 \pm 2.492$	$0.297 \pm 0.833$	607	3	1574
			LBFGS	$9.488 \pm 6.072$	$2.969 \pm 1.807$	172	17	432
30	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$3.511 \pm 7.923$	$1.223 \pm 2.630$	392	32	1008
			DHC	$1.702 \pm 6.995$	$0.504 \pm 1.894$	795	19	2091
			LBFGS	$36.64 \pm 14.07$	$10.03 \pm 3.497$	63	68	158
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$1.899 \pm 3.257$	$0.695 \pm 1.105$	358	32	1002
			DHC	$2.580 \pm 8.904$	$0.744 \pm 2.499$	731	8	2156
			LBFGS	$15.69 \pm 9.809$	$5.125 \pm 3.302$	134	46	340
		IO	HC	$3.934 \pm 9.404$	$1.324 \pm 2.938$	394	25	1055
			DHC	$1.934 \pm 4.838$	$0.723 \pm 1.731$	636	29	2000
			LBFGS	$19.57 \pm 11.12$	$6.059 \pm 3.126$	123	47	306

Tableau A III-4 Recalage par intensité : Résultats avec les MAPCAs-1 et la mesure de similarité NMI

NMI				MAPCAs-1				
(A)	(B)	(C)	(D)	TRE2D(ps)	TRE3D(mms)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$0.179 \pm 0.111$	$0.046 \pm 0.027$	20	0	730
			DHC	$1.899 \pm 3.222$	$0.488 \pm 0.821$	31	0	1267
			LBFGS	$13.78 \pm 6.051$	$3.539 \pm 1.578$	6	0	381
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$0.204 \pm 0.189$	$0.052 \pm 0.048$	10	0	720
			DHC	$2.549 \pm 3.979$	$0.643 \pm 0.992$	25	0	1300
			LBFGS	$14.45 \pm 6.603$	$3.655 \pm 1.675$	13	0	374
		IO	HC	$0.246 \pm 0.263$	$0.062 \pm 0.066$	7	0	739
			DHC	$2.904 \pm 5.311$	$0.734 \pm 1.328$	12	0	1285
			LBFGS	$14.96 \pm 6.703$	$3.849 \pm 1.735$	6	0	354
20	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$1.625 \pm 3.405$	$0.441 \pm 0.981$	7	3	1226
			DHC	$7.266 \pm 9.017$	$1.844 \pm 2.287$	21	13	1694
			LBFGS	$19.41 \pm 8.653$	$5.020 \pm 2.209$	5	17	465
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$1.470 \pm 3.806$	$0.398 \pm 1.058$	17	0	1080
			DHC	$7.252 \pm 9.583$	$1.857 \pm 2.423$	18	9	1666
			LBFGS	$22.59 \pm 9.469$	$5.907 \pm 2.409$	8	20	452
		IO	HC	$1.188 \pm 2.407$	$0.316 \pm 0.655$	14	4	1128
			DHC	$8.352 \pm 11.20$	$2.051 \pm 2.725$	23	1	1613
			LBFGS	$22.40 \pm 9.265$	$5.655 \pm 2.340$	6	20	459
30	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$4.236 \pm 9.805$	$1.107 \pm 2.562$	18	16	1302
			DHC	$26.19 \pm 31.94$	$3.522 \pm 3.967$	32	17	1970
			LBFGS	$31.31 \pm 14.28$	$8.022 \pm 3.616$	7	34	492
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$4.374 \pm 9.704$	$1.174 \pm 2.612$	17	13	1353
			DHC	$13.49 \pm 16.43$	$3.441 \pm 4.193$	23	20	1853
			LBFGS	$33.36 \pm 13.51$	$8.564 \pm 3.517$	8	38	464
		IO	HC	$4.453 \pm 9.441$	$1.157 \pm 2.371$	19	14	1328
			DHC	$26.72 \pm 33.19$	$4.068 \pm 4.536$	26	13	1755
			LBFGS	$31.29 \pm 13.69$	$7.984 \pm 3.347$	9	37	467

Tableau A III-5 Recalage par intensité : Résultats avec les MAPCAs-1 et la mesure de similarité ECC

ECC				MAPCAs-1				
(A)	(B)	(C)	(D)	TRE2D(ps)	TRE3D(mms)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$0.206 \pm 0.129$	$0.054 \pm 0.034$	12	0	735
			DHC	$1.892 \pm 3.274$	$0.487 \pm 0.853$	20	0	1298
			LBFGS	$10.77 \pm 5.889$	$2.792 \pm 1.538$	9	1	347
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$0.208 \pm 0.179$	$0.053 \pm 0.045$	13	0	723
			DHC	$2.207 \pm 3.926$	$0.581 \pm 1.065$	13	0	1268
			LBFGS	$10.51 \pm 6.022$	$2.721 \pm 1.584$	11	0	384
		IO	HC	$0.252 \pm 0.226$	$0.065 \pm 0.060$	19	0	734
			DHC	$2.912 \pm 5.281$	$0.731 \pm 1.328$	29	0	1293
			LBFGS	$10.31 \pm 5.452$	$2.674 \pm 1.445$	10	0	366
20	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$1.641 \pm 4.015$	$0.435 \pm 1.115$	18	6	1460
			DHC	$9.636 \pm 10.92$	$2.473 \pm 2.752$	20	12	1593
			LBFGS	$16.74 \pm 9.068$	$4.417 \pm 2.409$	8	10	441
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$0.884 \pm 2.157$	$0.236 \pm 0.607$	14	1	1050
			DHC	$7.684 \pm 9.325$	$1.954 \pm 2.394$	27	8	1612
			LBFGS	$17.84 \pm 9.402$	$4.625 \pm 2.432$	7	13	443
		IO	HC	$0.885 \pm 1.735$	$0.237 \pm 0.467$	14	14	1318
			DHC	$7.052 \pm 9.898$	$1.773 \pm 2.467$	25	6	1535
			LBFGS	$18.05 \pm 9.143$	$4.618 \pm 2.329$	v6	10	455
30	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$3.204 \pm 8.605$	$0.850 \pm 2.240$	18	46	1441
			DHC	$11.20 \pm 13.74$	$2.942 \pm 3.648$	14	32	2440
			LBFGS	$26.27 \pm 13.91$	$6.674 \pm 3.453$	8	22	408
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$3.315 \pm 7.163$	$0.869 \pm 1.867$	21	41	1443
			DHC	$18.43 \pm 16.04$	$4.703 \pm 4.095$	25	21	2178
			LBFGS	$29.76 \pm 15.77$	$7.585 \pm 3.885$	11	29	440
		IO	HC	$4.099 \pm 10.09$	$1.093 \pm 2.703$	22	37	1572
			DHC	$15.16 \pm 16.41$	$3.786 \pm 4.142$	25	23	2320
			LBFGS	$26.22 \pm 14.40$	$6.652 \pm 3.578$	8	35	408



Tableau A III-6 Recalage par intensité : Résultats avec les MAPCAs-1 et la mesure de similarité GD

GD				MAPCAs-1				
(A)	(B)	(C)	(D)	TRE2D(ps)	TRE3D(mms)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$1.054 \pm 1.939$	$0.278 \pm 0.527$	88	0	717
			DHC	$3.748 \pm 5.166$	$0.946 \pm 1.286$	145	1	1188
			LBFGS	$12.11 \pm 5.285$	$3.129 \pm 1.387$	42	11	308
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$1.344 \pm 3.248$	$0.357 \pm 0.878$	79	0	707
			DHC	$3.363 \pm 4.719$	$0.862 \pm 1.208$	116	0	1194
			LBFGS	$13.05 \pm 6.699$	$3.364 \pm 1.722$	43	4	331
		IO	HC	$1.048 \pm 3.507$	$0.278 \pm 0.942$	79	0	727
			DHC	$3.635 \pm 5.614$	$0.924 \pm 1.403$	130	0	1194
			LBFGS	$13.56 \pm 5.871$	$3.515 \pm 1.498$	47	4	307
20	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$7.958 \pm 8.898$	$2.106 \pm 2.387$	95	13	829
			DHC	$12.60 \pm 10.56$	$3.274 \pm 2.709$	142	19	1381
			LBFGS	$21.19 \pm 12.12$	$5.189 \pm 2.211$	45	59	332
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$4.962 \pm 6.463$	$1.281 \pm 1.687$	116	8	853
			DHC	$10.01 \pm 10.91$	$2.571 \pm 2.785$	191	15	1382
			LBFGS	$22.35 \pm 8.239$	$5.624 \pm 1.989$	35	47	308
		IO	HC	$6.530 \pm 8.825$	$1.706 \pm 2.326$	122	9	814
			DHC	$9.656 \pm 10.82$	$2.414 \pm 2.661$	200	7	1407
			LBFGS	$20.68 \pm 8.077$	$5.194 \pm 2.035$	44	51	333

Tableau A III-7 Recalage par intensité : Résultats avec les MAPCAs-2 et la mesure de similarité NMI

NMI				MAPCAs-2				
(A)	(B)	(C)	(D)	TRE2D(ps)	TRE3D(mms)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$3.889 \pm 5.106$	$1.012 \pm 1.357$	21	0	823
			DHC	$6.281 \pm 7.857$	$1.589 \pm 1.924$	36	0	1299
			LBFGS	$17.52 \pm 6.949$	$4.475 \pm 1.797$	10	0	357
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$3.723 \pm 5.833$	$0.956 \pm 1.515$	11	0	875
			DHC	$7.906 \pm 9.187$	$1.975 \pm 2.216$	13	1	1297
			LBFGS	$18.45 \pm 7.798$	$4.729 \pm 2.018$	11	2	359
		IO	HC	$4.392 \pm 5.972$	$1.137 \pm 1.563$	23	0	836
			DHC	$3.651 \pm 5.858$	$0.945 \pm 1.485$	38	0	1396
			LBFGS	$18.24 \pm 8.861$	$4.661 \pm 2.189$	10	3	369
20	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$9.126 \pm 11.37$	$2.345 \pm 2.905$	24	29	1043
			DHC	$16.28 \pm 11.29$	$4.012 \pm 2.766$	33	23	1492
			LBFGS	$28.65 \pm 9.112$	$6.962 \pm 2.079$	12	66	465
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$5.708 \pm 7.707$	$1.453 \pm 1.952$	18	22	1039
			DHC	$13.36 \pm 9.488$	$3.299 \pm 2.381$	24	24	1519
			LBFGS	$26.94 \pm 8.494$	$6.710 \pm 2.140$	12	32	387
		IO	HC	$7.697 \pm 9.782$	$1.976 \pm 2.526$	23	25	1036
			DHC	$11.59 \pm 11.04$	$2.883 \pm 2.733$	38	15	1575
			LBFGS	$26.22 \pm 8.312$	$6.511 \pm 1.942$	11	65	435

Tableau A III-8 Recalage par intensité : Résultats avec les MAPCAs-2 et la mesure de similarité ECC

ECC				MAPCAs-2				
(A)	(B)	(C)	(D)	TRE2D(ps)	TRE3D(mms)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$3.736 \pm 5.319$	$0.962 \pm 1.375$	12	0	815
			DHC	$6.755 \pm 7.959$	$1.735 \pm 2.038$	16	1	1255
			LBFGS	$13.91 \pm 6.166$	$3.570 \pm 1.571$	3	0	355
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$2.796 \pm 3.818$	$0.715 \pm 0.977$	14	1	879
			DHC	$7.549 \pm 3.926$	$1.895 \pm 2.042$	14	3	1260
			LBFGS	$14.01 \pm 6.699$	$3.559 \pm 1.685$	3	2	342
		IO	HC	$3.646 \pm 4.869$	$0.944 \pm 1.273$	13	0	827
			DHC	$3.019 \pm 5.397$	$0.797 \pm 1.412$	25	0	1403
			LBFGS	$15.21 \pm 7.609$	$3.852 \pm 1.907$	6	0	324
20	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$7.949 \pm 10.41$	$2.060 \pm 2.712$	25	17	1075
			DHC	$15.16 \pm 10.81$	$3.709 \pm 2.648$	38	27	1540
			LBFGS	$26.45 \pm 8.651$	$6.479 \pm 2.051$	11	43	408
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$5.317 \pm 7.102$	$1.377 \pm 1.837$	16	18	1135
			DHC	$14.16 \pm 10.31$	$3.494 \pm 2.566$	29	28	1479
			LBFGS	$25.66 \pm 8.261$	$6.253 \pm 1.989$	10	51	399
		IO	HC	$6.349 \pm 8.795$	$1.638 \pm 2.287$	21	19	1086
			DHC	$12.32 \pm 11.61$	$3.042 \pm 2.842$	32	14	1594
			LBFGS	$24.56 \pm 10.51$	$6.001 \pm 2.486$	11	41	424

Tableau A III-9 Recalage par intensité : Résultats avec les MAPCAs-2 et la mesure de similarité GD

GD				MAPCAs-2				
(A)	(B)	(C)	(D)	TRE2D(ps)	TRE3D(mms)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$9.256 \pm 7.806$	$2.323 \pm 1.974$	69	0	615
			DHC	$8.551 \pm 8.380$	$2.237 \pm 2.212$	112	0	1188
			LBFGS	$16.20 \pm 7.444$	$4.209 \pm 1.951$	34	14	304
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$8.807 \pm 7.078$	$2.221 \pm 1.789$	64	2	618
			DHC	$8.938 \pm 8.228$	$2.295 \pm 2.045$	103	2	1117
			LBFGS	$16.65 \pm 12.98$	$3.978 \pm 1.617$	33	22	293
		IO	HC	$9.973 \pm 8.409$	$2.537 \pm 2.160$	70	0	603
			DHC	$5.627 \pm 6.895$	$1.513 \pm 1.859$	121	0	1215
			LBFGS	$15.91 \pm 6.709$	$4.195 \pm 1.741$	39	10	327
20	$\mathcal{R}_A$	RT	HC	$14.99 \pm 10.74$	$3.826 \pm 2.816$	76	24	711
			DHC	$17.26 \pm 10.78$	$4.201 \pm 2.602$	136	24	1317
			LBFGS	$23.32 \pm 9.066$	$5.785 \pm 2.348$	33	32	291
	$\mathcal{R}_P$	RT	HC	$13.35 \pm 9.704$	$3.316 \pm 2.395$	69	28	719
			DHC	$16.14 \pm 10.56$	$3.968 \pm 2.611$	109	22	1291
			LBFGS	$26.59 \pm 10.26$	$6.643 \pm 2.409$	32	65	296
		IO	HC	$15.11 \pm 11.49$	$3.732 \pm 2.859$	76	26	710
			DHC	$13.69 \pm 10.88$	$3.372 \pm 2.687$	139	12	1378
			LBFGS	$25.01 \pm 8.809$	$6.096 \pm 2.056$	31	71	279

## **ANNEXE IV**

### **PUBLICATION**

Cette annexe présente l'article accepté, pour une présentation par poster, à la conférence SPIE medical imaging 2012 : <http://spie.org/x12166.xml>. Celui-ci constitue un résumé des méthodes de projection de voxels vibrants et de recalage rigide 3D-2D développées.

# Intensity-based 3D/2D registration for percutaneous intervention of major aorto-pulmonary collateral arteries

Julien Couet<sup>1</sup>, David Rivest-Hénault<sup>1</sup>, Joaquim Miró<sup>2</sup>, Chantale Lapierre<sup>2</sup>, Luc Duong<sup>1</sup> and Mohamed Cheriet<sup>1</sup>

<sup>1</sup>École de technologie supérieure,  
1100 Rue Notre-Dame Ouest Montréal, H3C 1K3 Québec Canada

<sup>2</sup>Centre Hospitalier Sainte-Justine,  
3175 Chemin de la Côte Sainte-Catherine Montréal, H3T 1C5 Québec Canada

## ABSTRACT

Percutaneous cardiac interventions rely mainly on the experience of the cardiologist to safely navigate inside soft tissues vessels under X-ray angiography guidance. Additional navigation guidance tool might contribute to improve reliability and safety of percutaneous procedures. This study focus on major aorta-pulmonary collateral arteries (MAPCAs) which are pediatric structures. We present a fully automatic intensity-based 3D/2D registration method that accurately maps pre-operatively acquired 3D tomographic vascular data of a newborn patient over intra-operatively acquired angiograms. The tomographic dataset 3D pose is evaluated by comparing the angiograms with simulated X-ray projections, computed from the pre-operative dataset with a proposed splatting-based projection technique. The rigid 3D pose is updated via a transformation matrix usually defined in respect of the C-Arm acquisition system reference frame, but it can also be defined in respect of the projection plane local reference frame. The optimization of the transformation is driven by two algorithms. First the hill climbing local search and secondly a proposed variant, the dense hill climbing. The latter makes the search space denser by considering the combinations of the registration parameters instead of neighboring solutions only. Although this study focused on the registration of pediatric structures, the same procedure could be applied for any cardiovascular structures involving CT-scan and X-ray angiography. Our preliminary results are promising that an accurate (3D TRE  $0.265 \pm 0.647\text{mm}$ ) and robust (99% success rate) bi-planes registration of the aorta and MAPCAs from a initial displacement up to 20mm and 20° can be obtained within a reasonable amount of time (13.7 seconds).

**Keywords:** 3D/2D Registration, Image-Guided Interventions, Cardiac Procedures

## 1. INTRODUCTION

Multimodal 3D/2D registration has multiple applications in assisting medical diagnosis and therapy, from data fusion from different acquisition modalities to radiographic-based navigation guidance. The aim of 3D/2D registration is to define a common reference frame for multimodal medical datasets in order to align corresponding anatomical structures of the patient. The motivation of this work is to improve minimally invasive treatment of major aorta-pulmonary collateral arteries (MAPCAs) in pediatric cardiology. MAPCAs are immature arteries with blob morphology associated with severe congenital heart diseases as the pulmonary atresia with ventricular septal defect or the Tetralogy of Fallot, observed in newborn patients.<sup>1</sup> Furthermore, MAPCAs are very thin vascular structures<sup>2</sup> (their diameter is smaller than 4mm) that can be highly complex in 3D and thus extremely challenging to navigate. By mapping a pre-operative segmented 3D tomographic dataset of MAPCAs onto X-ray intra-operative angiographies, we aimed at improving X-ray angiography-based navigation of MAPCAs for pediatric patients. The first purpose of this work is to investigate whether rigid registration of small structures was possible, and the second is to compensate rigid respiratory movements of such vascular structures. This study is focused on pediatric cardiology, but could be adapted to any adult percutaneous procedure in cardiology involving tomographic data and X-ray angiographies such as aortic or coronary diseases.

---

Further author information:

Julien Couet : E-mail: julien.couet.1@ens.etsmtl.ca.

Intensity-based rigid 3D/2D registration methods described in the literature are mainly developed for adult disease interventions.<sup>3</sup> The common workflow relies on the simulation of X-ray angiographies from the pre-operative tomographic data at an estimated 3D pose. This process is known as digitally reconstructed radiographs (DRR) that is mainly achieved by voxels projection<sup>4</sup> or ray tracing techniques.<sup>5</sup> DRRs are iteratively compared with the real angiograms via an intensity-based similarity measure.<sup>6</sup> The 3D rigid pose of the CT data is then updated until the similarity measure is optimal. This non-linear 6 degrees of freedom problem is commonly solved by the use of local iterative optimization algorithms as the hill climbing,<sup>7</sup> Powell-based<sup>8</sup> and the downhill simplex<sup>9</sup> algorithms or first and second order derivative-based optimization as the Levenberg-Marquardt<sup>10</sup> and the L-BFGS.<sup>11</sup> To converge, these algorithms theoretically require monotone and convex objective cost functions in the vicinity of the true position. However, none of the current similarity measures respects these properties which may result in the optimization process to diverge towards a local maxima. Hence, intensity-based methods have a small capturing range and must be initialized close to the true pose. Markelj et al.<sup>3</sup> identifies two main approaches, regardless the optimization algorithm, to increase the searched space while avoiding false local optima. The first involves the use of multi-resolution and/or multi-scale search strategies. However down-sampling or smoothing the images may, at the same time, increase risks of trapping the optimization within a false optimum. The second intends to bring the registration problem within the capture range of the optimization algorithm by sequential/parallel multi-initialization strategies or by iteratively decreasing a wide initial searched space. Nevertheless, these methods appear being computationally expensive.

In this paper, we present a novel biplane automatic intensity-based 3D/2D rigid registration workflow that accurately maps pre-operative CT data with intra-operative X-ray angiographies in order to assist percutaneous intervention of pediatric congenital heart diseases. First, an improvement over the wobbled voxels splatting method<sup>12</sup> is proposed. Secondly, to improve the accuracy of the registration, the rigid transformation that maps the 3D pre-operative and the 2D intra-operative datasets is expressed within the coordinate frame of one of the C-Arm projection plans (the intensifiers) instead of within the coordinate frame of the radiographic acquisition system. Finally, to increase the robustness of the registration technique, a new local iterative optimization algorithm, based on the hill climbing,<sup>7</sup> is proposed.

## 2. METHODS

### 2.1 DRRs simulation

DRRs are computed by projecting the volumetric CT dataset onto two different simulated projection planes, the registration being biplane to be more accurate. To be computationally efficient, the X-ray images are simulated with a voxels splatting method instead of a ray tracing technique.<sup>12</sup> The main drawback of splatting-based projection is the presence of aliasing artifacts forming undesirable lines.<sup>4</sup> To increase the DRRs quality, Birkfellner et al.<sup>12</sup> used an anti-aliasing technique composed of a random wobbled vibration of the voxels and/or the pixels positions coupled with a gaussian smoothing. Nevertheless, discretization artifacts remain persistent with the tomographic dataset used in this work, as shown in Figure 1(a). Furthermore, the wobbled vibration introduces a noise that the gaussian kernel cannot properly smooth with our volumetric projected data.

In order to define a splatting-based projection method usable for our registration framework, i.e to decrease the amount of artifacts to obtain high quality DRRs, two solutions are proposed. The first is to replace the gaussian filter with the convolution of triangles kernel<sup>13</sup> (COT) which appears to strongly erase both the artifacts and the noise introduced by the vibrations, as shown in Figure 1(b). The second is to compute the length of each projection ray within the voxels it reaches as in a ray tracing technique.<sup>5</sup> However, the computation of the exact path of a ray within a tomographic dataset is computationally expensive. Instead, we choose to compute an average  $l_i$  length for all the voxels that a ray  $\vec{p_i s}$  crossed through. As shown in Figure 1(c), a mean ray length  $d$  is first computed from a voxel along of the optical axe  $\vec{p_o s}$  and then projected on the current projection ray  $\vec{p_i s}$ , cf. equation (1).

$$l_i = d \cdot \cos(\alpha_i) \quad \cos(\alpha_i) = \frac{\vec{p_o s} \cdot \vec{p_i s}}{\|\vec{p_o s}\| \cdot \|\vec{p_i s}\|} \quad (1)$$

As illustrated in Figure 1(c), whereas the lengths ( $l_{i_1}..l_{i_4}$ ) are different in a ray tracing technique, these lengths are all equal in the proposed splatting-based DRR computation method.

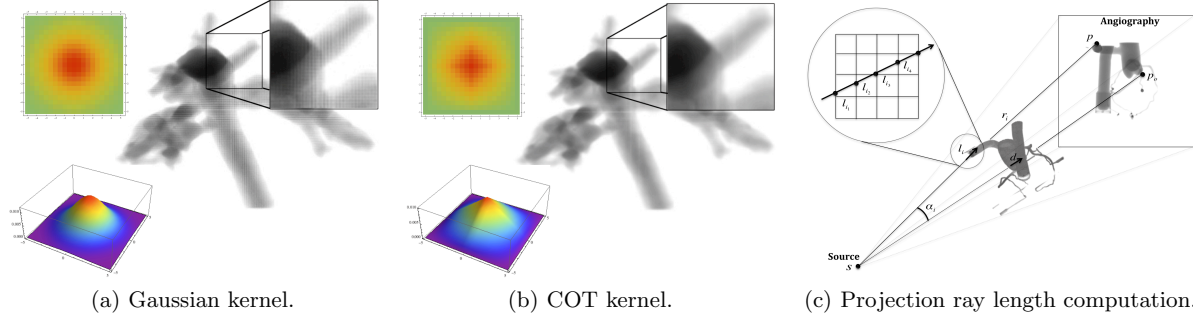


Figure 1: Improved wobbled-splatting DRRs computation method with the first MAPCAs tomographic dataset. (a) DRR smoothed with a 5x5 Gaussian kernel with the artifacts. (b) DRR smoothed with a 5x5 COT kernel. (c) Computation of the projection ray length within the tomographic voxels.

## 2.2 Similarity measure

Since the registration is quasi-multimodal,<sup>3</sup> the similarity between the target  $I_t$  and the registered radiographs  $I_r$  is quantified with the entropy correlation coefficient<sup>14</sup> (ECC). It is theoretically maximized and equals unit when the two images share the same information. Compared to the normalized mutual information<sup>15</sup> (NMI), the presence of the square root in the ECC definition tends to increase the amplitude of all the local optima, and particularly the true one, as shown in Figure 2(a). The final measure  $\mathcal{O}$  used to minimize the optimization cost of both views ( $I_1, I_2$ ) is defined by equation (2), where  $(E(I_t), E(I_r))$  are the entropy and  $E(I_t, I_r)$  the joint entropy of the X-ray images.

$$ECC(I_t, I_r) = \sqrt{2 \cdot \left(1 - \frac{E(I_t, I_r)}{E(I_t) + E(I_r)}\right)} \quad \mathcal{O} = 1 - \frac{ECC(I_{t_1}, I_{r_1}) + ECC(I_{t_2}, I_{r_2})}{2} \quad (2)$$

## 2.3 Expression of the rigid transformation

The coordinate systems used in the biplane registration framework are illustrated in Figure 2(b).  $\mathcal{R}_a$  is the fixed and absolute global reference frame defined at the C-Arm iso-center.  $\mathcal{R}_v$  is the local reference frame of the volumetric tomographic dataset defined at its center.  $\mathcal{R}_p$  defines the local reference frame of the first projection plane, in red in the figure. To obtain the optimal rigid pose of the tomographic data, a transformation  $T$  is applied to the volumetric tomographic dataset. The transformation  $T$  is represented by a 4x4 matrix (in homogeneous coordinates) defined from a 6 parameters vector  $\mathbf{P}$  representing the  $(\vec{x}, \vec{y}, \vec{z})$  axis translations and rotations components :  $\mathbf{P} = (t_x, t_y, t_z; \theta_x, \theta_y, \theta_z)^\top$ . Rotations are uniquely factorized in Euler form since their amplitudes are always inferior to  $90^\circ$ <sup>7</sup> and performed at the center of the tomographic dataset. The optimization of the rotation parameters in the local reference frame is preferred over the global reference frame, since it ensures that neighboring transformations will be spatially coherent in 3D space.

In the conventional scenario, the transformation  $T$  is defined with the respect of  $\mathcal{R}_a$ . However,  $T$  can also be defined with the respect of the local reference frame of one of the projection plane. We choose the first projection plane where the reference frame is  $\mathcal{R}_p$  and the transformation now represented by  $T^{pref}$ . The second projection plane is conventionally used to further constraint the volume 3D pose from an different view. To apply  $T^{pref}$  to the local reference frame of the CT volume  $\mathcal{R}_v$ , the rigid transformation has to be first converted in respect of  $\mathcal{R}_a$ . The new transformation  $T^{aref}$  is then defined by equation (3) where  $T_p$  is the transformation matrix of  $\mathcal{R}_p$  in respect of  $\mathcal{R}_a$ ,  $T_p^{-1}$  its inverse.

$$T^{aref} = T_p^{-1} \cdot T^{pref} \cdot T_p \quad (3)$$

This definition allows to move and rotate the volumetric CT data in the directions of  $\mathcal{R}_p$  axes instead of the ones of  $\mathcal{R}_a$ . By defining the transformations as a mapping from  $\mathcal{R}_v$  to  $\mathcal{R}_p$ , the influence on the similarity measure of each single parameter transformation is better discriminated and the registration precision improved.



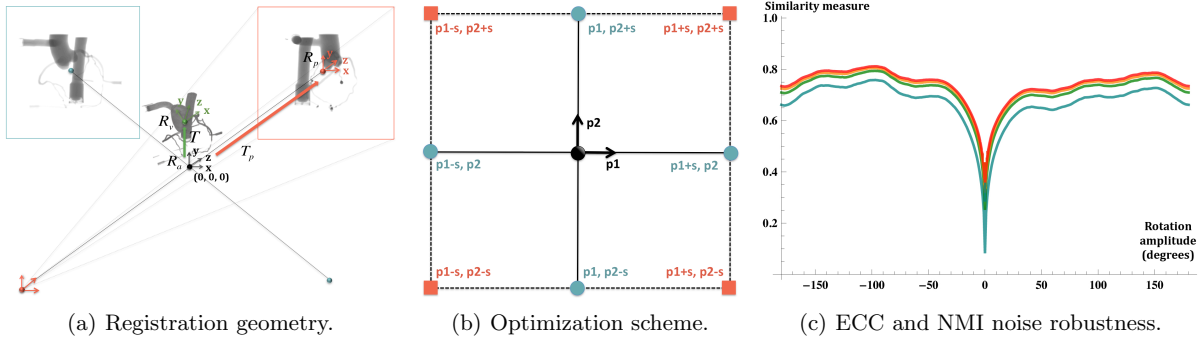


Figure 2: Registration workflow schemes : (a) Geometry of the biplane imaging system representing an antero-posterior view and a lateral view<sup>16</sup> (the two planes are perpendicular) employed in the registration framework. (b) 2D HC and DHC search schemes comparison. Positions reached by the HC are the blue points while the positions attained by the DHC are both the blue points and the red squares. (c) Robustness of the NMI and the ECC similarity measures to a gaussian white noise with the second dataset of MAPCAs. The CT data is rotated from  $\theta_x = -180^\circ$  to  $\theta_x = 180^\circ$  along the  $\vec{x}$  axis of the reference frame  $\mathcal{R}_a$ , a DRR is created at every degree and then compared to the image of reference computed at  $\theta_x = 0$ . The dash lines represent the results for the NMI similarity measure while the plan lines depict the ECC measure. The colors represents the intensity of the white gaussian noise, from blue where there is no noise to red where the angiographies are very noisy.

## 2.4 Optimization strategy

In the hill climbing (HC) algorithm,<sup>7</sup> the local search is carried out by sequentially altering, at every iteration  $t$ , the position of each search parameter, now represented by the general notation  $\mathbf{P} = \{p_i, i \in [1, 6]\}$ , a fixed step size  $s$  in both negative and positive directions as shown in equation (4).

$$(p_i^t - s, p_i^t + s) \quad i \in [1..6] \quad (4)$$

After having evaluated all the  $2 \times 6 = 12$  neighbors, the position improving the similarity measure the most is kept and then set as the initial position for the next iteration. To cover a larger search amplitude, a initial wide search parameters step size  $s = s_{max}$  is decreased as the iteration number increases until  $s$  reaches  $s_{min}$ , the stopping condition that also represents the accuracy of the registration method to achieve. The search parameters  $p_i$  are ordered in translation-rotation components :  $\mathbf{P} = (t_x, t_y, t_z; \theta_x, \theta_y, \theta_z)^\top$  and always set to null at the initialization. The rigid transformation  $T$  is defined in respect of the reference frame  $\mathcal{R}_a$ <sup>7</sup> or in respect of  $\mathcal{R}_p$ , as presented in paragraph 2.3.

Nevertheless, the number of the evaluations can be increased by considering all the combinations of the 6 transformation parameters instead of limiting the search to the closest neighboring locations only. As each parameter  $p_i$  of  $\mathbf{P}$  can independently take 3 positions as shown by equation (5), the combination of all the parameters, without counting the current pose, equals to  $3^6 - 1 = 728$  (cf. figure 2.b).

$$(p_i^t - s, p_i^t, p_i^t + s) \quad i \in [1..6] \quad (5)$$

Although evaluating all the possibilities will be computationally very intensive, make denser the search space allows to make the volumetric dataset visit more locations and thus, increases the probability of finding the true pose. However, this approach might be affected by the intensity measure properties. Indeed, if the intensity measure is not smooth enough, visiting more locations also increases risks of trapping the optimization within a false optimum. To confirm this hypothesis while decreasing the number of locations to evaluate, we propose a variant of the hill climbing algorithm, the dense hill climbing (DHC). The local search is speeded up by dividing the search 6 parameters  $p_i$  of  $\mathbf{P}$  into two groups : translation  $(t_x, t_y, t_z)^\top$  and rotation  $(\theta_x, \theta_y, \theta_z)^\top$  components. At each iteration  $t$ , the parameters of the rotation group are first fixed and only the  $3^3 - 1 = 26$  translations are evaluated. The translation improving the similarity measure the most is kept to next find the best rotation combination. With this search scheme, the number of evaluations to perform at each iteration then leads up to 52 evaluations compared to the initial 728.

### 3. EXPERIMENTAL RESULTS

#### 3.1 Data sets and evaluation

Validation of the proposed registration technique was performed on three different tomographic datasets. First, an adult size and high quality coronary arteries phantom,<sup>17</sup> with the aorta, filled with contrast agent and acquired by CT-scan (Figure 3). This dataset, composed of  $512 \times 412 \times 388$  voxels, represents an ideal tomographic acquisition where the arteries are motionless and the contrast agent present within all the structure without any diffusion effects. The later are real MAPCAs CT datasets of two pediatric patients composed of  $512 \times 512 \times 214$  voxels as shown in Figures 4 and 5. Theses datasets were segmented using a semi-automatic level set method.<sup>18</sup> X-ray angiograms were simulated using 2D projection of the CT datasets as described above. The 3D/2D target-to-registration error<sup>14</sup> (TRE) mean and standard deviation, in millimeters, are computed with a set of 500 3D points placed along relevant structures (aorta, vessels or MAPCAs) to create centerlines of the target vessels as shown in Figures 3 and 4. As shown in Figure 7, the segmented second dataset does not present enough MAPCAs to create a significant number of points usable for the TRE calculations. Instead, the centerlines defined for the first real pediatric dataset were used.

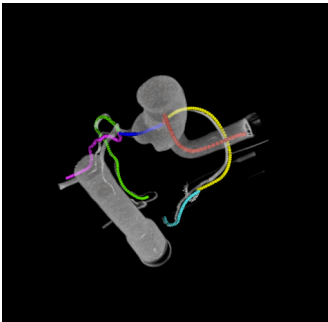
To validate our method, two types of experimentations were performed. First, we compared, in term of precision and bias, the proposed optimization algorithm (DHC) with the hill climbing (HC) as well as the two possible reference frames,  $\mathcal{R}_a$  and  $\mathcal{R}_p$ , usable for defining the rigid transformation (cf. section 2.3). The target, or ground truth, poses were uniformly distributed within an maximum search amplitude  $s_{max}$  ranged from  $\{\pm 10, \pm 20, \pm 30\}$  millimeters for the translations and degrees for the rotations. For all the tests, the initial pose, from where the CT datasets had to reach the target poses, was set to null and the stopping condition  $s_{min}$  was set to  $10^{-4}$ . Every test batch was composed of registrations from 100 random poses. We did not consider outlier registrations in the final 3D/2D TRE mean and standard deviation errors, a registration  $i$  being defined as an outlier if its own  $TRE3D(i) \leq s_{max}/2$ . Secondly, the proposed registration technique was used to compensate a simulated one-dimensional respiratory motion<sup>19</sup>  $r_{\vec{y}}$  along the craniocaudal direction, i.e in the direction of the  $\vec{y}$  axe of the reference frame  $\mathcal{R}_a$ .

$$r_{\vec{y}}(t) = A \cdot \cos^{2n}\left(\frac{\pi \cdot t}{\tau} + \phi\right) \quad (6)$$

In equation (6), the parameter  $A = 20\text{mm}$  is the maximum amplitude of the respiratory movement,  $\tau = 11\text{s}$  and  $\phi = 0$  are respectively the period and the initial phase of the breathing cycle. The last coefficient  $n = 1$ , specific to each patient, determines the breathing pattern. Two types of motions were simulated, a perfect sinusoidal movement and an altered one which is closer to a real breathing motion.

#### 3.2 Rigid registration results

The Figures 3, 4 and 5 present the rigid registration results where the parameters (A, B, C) represent: (A) the maximum simulated amplitude  $s_{max}$  (ex.  $s_{max} = 10$ : 10mm and 10 degrees), (B) the reference frame considered, (C) the optimization strategy. The parameters (t, No, Nc) depict: (t) the computation time in seconds without projection time and rounded up, (No): the number of outliers, and (Ni) the number of iterations of the optimization algorithms.



			Phantom				
A	B	C	TRE2D(mm)	TRE3D(mm)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_a$	HC	$0.089 \pm 0.634$	$0.077 \pm 0.556$	13	0	671
		DHC	$0.024 \pm 0.021$	$0.019 \pm 0.016$	21	0	1224
	$\mathcal{R}_p$	HC	$0.024 \pm 0.009$	$0.019 \pm 0.008$	12	0	686
		DHC	$0.025 \pm 0.025$	$0.082 \pm 0.085$	22	0	1233
20	$\mathcal{R}_a$	HC	$0.087 \pm 0.269$	$0.107 \pm 0.348$	23	1	897
		DHC	$0.037 \pm 0.016$	$0.027 \pm 0.015$	38	0	1160
	$\mathcal{R}_p$	HC	$0.293 \pm 1.348$	$0.243 \pm 1.093$	27	1	931
		DHC	$0.032 \pm 0.021$	$0.029 \pm 0.020$	42	1	1663
30	$\mathcal{R}_a$	HC	$0.516 \pm 1.851$	$0.595 \pm 2.146$	32	11	1269
		DHC	$0.275 \pm 1.345$	$0.302 \pm 1.562$	45	4	2343
	$\mathcal{R}_p$	HC	$0.204 \pm 0.850$	$0.462 \pm 2.119$	26	9	1197
		DHC	$0.148 \pm 0.517$	$0.161 \pm 0.645$	44	1	2315

Figure 3: Evaluation of the precision of the 3D/2D registration of the adult-size synthetic aortic phantom.



			MAPCAs-1				
A	B	C	TRE2D(mm)	TRE3D(mm)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	HC	$0.062 \pm 0.039$	$0.054 \pm 0.034$	12	0	735
		DHC	$0.568 \pm 0.982$	$0.487 \pm 0.853$	20	0	1298
	$\mathcal{R}_P$	HC	$0.062 \pm 0.054$	$0.053 \pm 0.045$	13	0	723
		DHC	$0.066 \pm 1.178$	$0.581 \pm 1.065$	13	0	1268
20	$\mathcal{R}_A$	HC	$0.492 \pm 1.204$	$0.435 \pm 1.115$	18	6	1460
		DHC	$2.891 \pm 3.276$	$2.473 \pm 2.752$	20	12	1593
	$\mathcal{R}_P$	HC	$0.265 \pm 0.647$	$0.236 \pm 0.607$	14	1	1050
		DHC	$2.305 \pm 2.787$	$1.954 \pm 2.394$	27	8	1612
30	$\mathcal{R}_A$	HC	$0.961 \pm 2.581$	$0.850 \pm 2.240$	18	46	1441
		DHC	$3.360 \pm 4.122$	$2.942 \pm 3.648$	14	32	2440
	$\mathcal{R}_P$	HC	$0.995 \pm 2.149$	$0.869 \pm 1.867$	21	41	1443
		DHC	$5.529 \pm 4.812$	$4.703 \pm 4.095$	25	21	2178

Figure 4: Evaluation of the precision of the 3D/2D registration of the first real pediatric dataset of MAPCAs.

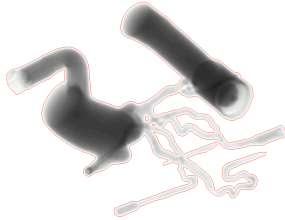


			MAPCAs-2				
A	B	C	TRE2D(mm)	TRE3D(mm)	t(s)	No	Nc
10	$\mathcal{R}_A$	HC	$1.121 \pm 1.596$	$0.962 \pm 1.375$	12	0	815
		DHC	$2.026 \pm 2.388$	$1.735 \pm 2.038$	16	1	1255
	$\mathcal{R}_P$	HC	$0.839 \pm 1.145$	$0.715 \pm 0.977$	14	1	879
		DHC	$2.265 \pm 1.178$	$1.895 \pm 2.042$	14	3	1260
20	$\mathcal{R}_A$	HC	$2.385 \pm 3.123$	$2.060 \pm 2.712$	25	17	1075
		DHC	$4.548 \pm 3.243$	$3.709 \pm 2.648$	38	27	1540
	$\mathcal{R}_P$	HC	$1.595 \pm 2.131$	$1.377 \pm 1.837$	16	18	1135
		DHC	$4.248 \pm 3.093$	$3.494 \pm 2.566$	29	28	1479

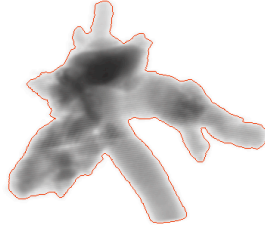
Figure 5: Evaluation of the precision of the 3D/2D registration of the second dataset of MAPCAs. The results for  $s_{max} = \pm 30$  are not presented since the number of outlier reach 50% of the tests, and thus are not significant.

While the most precise results, in term of 3D TRE but mainly in term of number of outliers, are obtained with the dense hill climbing (DHC) algorithm with the synthetic CT dataset ( $0.161 \pm 0.645\text{mm}$  with 1% of outliers and  $s_{max} = \pm 30$ ), the hill climbing algorithm<sup>7</sup> (HC) provides better results when dealing with the real pediatric CT datasets ( $0.236 \pm 0.607\text{mm}$  with 1% of outliers for the first and  $1.377 \pm 1.837\text{mm}$  with 16% of outliers for the second with  $s_{max} = \pm 20$ ). First, that confirms that the precision of the registration depends on the quality of the projected CT dataset, which also defined the behavior of the similarity measure. Secondly, that also reinforces our assumption that taking into account more locations for the 3D CT data in the search scheme, as presented in section 2.4, is relevant only if the similarity measure presents a few number of local false optima, i.e is well behaved in the vicinity of the true pose of the CT data. Otherwise, the risks that trapping the optimization algorithm into a false local minimum increased enough to clearly limited the robustness of the registration. However, the proposed optimization algorithm, with the aortic phantom, allows the registration to be very precise with  $s_{max} = 30$  and exact if  $s_{max} \leq 20$ . If coupled with an appropriate similarity measure, the dense hill climbing algorithm promises to be more efficient than the hill climbing optimization.

Concerning the reference frame  $\mathcal{R}_a$  or  $\mathcal{R}_p$  from where the rigid transformation matrix  $T$  is defined, it appears that, when associated with the proper optimization algorithm, defining the transformation in respect of the projection plane reference  $\mathcal{R}_p$  increases significantly the accuracy of the registration by decreasing the final standard deviation of the target-to-registration error.



(a) Synthetic phantom



(b) First MAPCAs



(c) Second MAPCAs

Figure 6: Examples of registration results in 2D with all the tomographic datasets.

### 3.3 Motion compensation results

The results of the respiratory motion compensation are illustrated by the Figures 7(a) and 7(b). The simulated respiratory motion is represented by the green points while the compensated movement is shown by the orange squares that represent the TRE3D error. The frequency of the X-ray acquisition is 0.6 Hz which leads to one angiography acquisition each 1.67s.

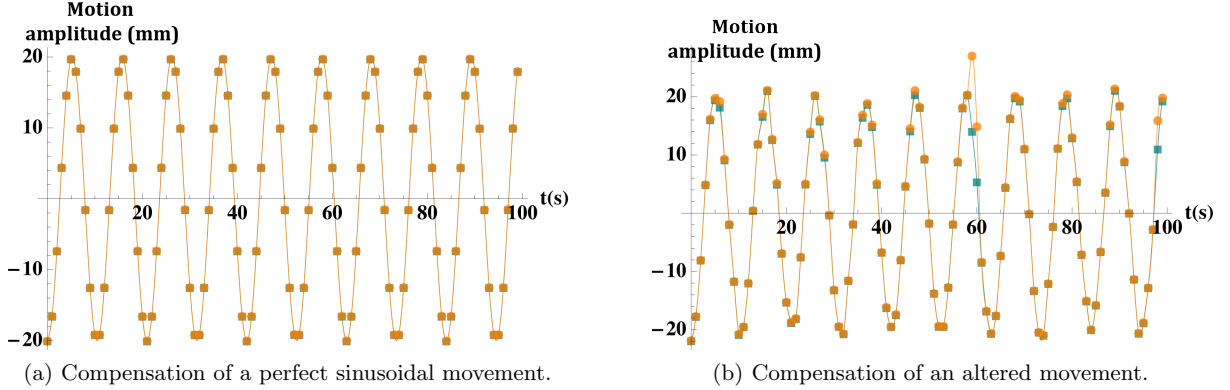


Figure 7: Automatic compensation of the respiratory motion with the second dataset of MAPCAs. The compensation was performed with the hill climbing algorithm and the rigid transformations defined within the reference frame  $\mathcal{R}_p$  of the projection plane.

The propose registration framework is able to compensate a rigid breathing motion of an amplitude of  $\pm 20\text{mm}$ . While the compensation is perfect with the exactly sinusoidal motion, some errors appear with the altered motion. However, these errors are rapidly corrected and, furthermore, are not propagated.

## 4. CONCLUSION

This study aimed at presenting a 3D/2D registration workflow for pediatric cardiac interventions. Navigation using X-ray angiography during percutaneous interventions is highly challenging, since it involves mentally registering two 2D views of a moving 3D anatomical structure into the patient reference. This paper presents a novel technique for biplane intensity-based registration of the aortic root with MAPCAs of a pre-operative tomographic acquisition and X-ray angiography imaging. The main contribution of this work is a new 3D/2D rigid registration framework that is based on three steps. First, the wobbled splatting DRR computation method<sup>12</sup> is improved by replacing the final gaussian smoothing with the COT kernel<sup>13</sup> and by approximating the length of the projection rays within the voxels they cross through. Secondly, the definition of the rigid transformations applied to the 3D volumetric CT data with respect of the local reference of one of the projection planes allows the registration to be more accurate. Finally, two algorithms are used to solve the pose estimation problem: the hill climbing algorithm<sup>7</sup> and a modified version, the dense hill climbing algorithm, which considers a combination of transformations. Besides, the proposed method allows to compensate, with confidence, a simulated rigid respiratory movement and thus could be used to obtain an augmented reality view to guide cardiologist navigate through complicated and small anatomical structures such as MAPCAS vessels. Although this study focused on the latter, the same procedure could be applied for any cardiovascular structures involving CT and X-ray angiography. Our preliminary results are promising to automatically overlay a tomographic volumetric acquisition of such small structure as MAPCAs with X-ray angiography in a reasonable computation time to compensate a rigid respiratory motion during percutaneous interventions.

## 5. ACKNOWLEDGEMENTS

This study was funded by NSERC Discovery Grant program. The authors would like to thank the radiology and the cardiology department of Sainte-Justine Hospital for their continuous support and for providing clinical datasets.

## REFERENCES

- [1] Griselli, M., McGuirk, S., Winlaw, D., Stumper, O., de Giovanni, J., Miller, P., Dhillon, R., Wright, J., Barron, D., and Brawn, W., “The influence of pulmonary artery morphology on the results of operations for major aortopulmonary collateral arteries and complex congenital heart defects,” *The Journal of thoracic and cardiovascular surgery* **127**, 251–258 (2004).
- [2] Murthy, K., Krishnanaik, S., Coelho, R., Punnoose, A., Arumugam, S., and Cherian, K., “Median sternotomy single stage complete unifocalization for pulmonary atresia, major aorto-pulmonary collateral arteries and VSD-early experience,” *European journal of cardio-thoracic surgery* **16**, 21–25 (1999).
- [3] Markelj, P., Tomazevic, D., Likar, B., and Pernus, F., “A review of 3D-2D registration methods for image-guided interventions,” *Medical image analysis* (2010).
- [4] Westover, L., “Footprint evaluation for volume rendering,” *SIGGRAPH Computer graphics* **24**, 367–376 (1990).
- [5] Siddon, R., “Fast calculation of the exact radiological path for a three dimensional CT array,” *Physics in medicine and biology* **12**(2), 252–255 (1985).
- [6] Lemieux, L., Fish, D., Jagoe, R., Kitchen, N., and Thomas, D., “A patient to computed tomography image registration method based on digitally reconstructed radiographs,” *Medical physics* **21**, 1749–1760 (1994).
- [7] Wein, W., *Intensity based rigid 2D-3D registration algorithms for radiation therapy*, Master’s thesis, Technische Universität München (2003).
- [8] Powell, M., “An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives,” *The computer journal* **7**(2), 155–162 (1964).
- [9] Nelder, J. and Mead, R., “A simplex method for function minimization,” *The computer journal* **7**(4), 308–313 (1965).
- [10] Marquardt, D., “An algorithm for least-squares estimation of nonlinear parameters,” *SIAM Journal on applied mathematics* **11**, 431–441 (1963).
- [11] Fletcher, R., “A new approach to variable metric algorithms,” *The computer journal* **13**, 317–322 (1970).
- [12] Birkfellner, W., Seemann, R., Figl, M., Hummel, J., Ede, C., Homolka, P., Yang, X., Niederer, P., and Bergmann, H., “Wobbled splatting - a fast perspective volume rendering method for simulation of X-ray images from CT,” *Physics in medicine and biology* **50**, 73–84 (2005).
- [13] Cosman, E., *Rigid registration of MR and biplanar fluoroscopy*, Master’s thesis, Massachusetts Institute of technology (2000).
- [14] Turgeon, G., Lehmann, G., Guiraudon, G., Drangova, M., Holdsworth, D., and Petersa T., “2D-3D registration of coronary angiograms for cardiac procedure planning and guidance,” *Medical physics* **32**, 3737–3749 (2005).
- [15] Studholme, C., Hill, D., and Hawkes, D., “An overlap invariant entropy measure of 3D medical image alignment,” *Pattern recognition* **32**, 71–86 (1999).
- [16] Jomier, J., Bullitt, E., Horn, M. V., Pathak, C., and Aylward, S., “3D-2D model to image registration applied to tips surgery,” *Medical image computing and computer-assisted intervention* **9**, 662–669 (2006).
- [17] Liao, R., Duong, L., Sun, Y., and Kirchberg, K., “3D reconstruction of the coronary artery tree from multiple views of a rotational X-ray angiography,” *The international journal of cardiovascular imaging* **26**, 733–749 (2010).
- [18] Rivest-Hénault, D., Duong, L., Cheriet, M., Lapierre, C., and Deschênes, S., “Semi-automatic segmentation of major aorto-pulmonary collateral arteries (MAPCAs) for image guided procedures,” *Proceeding of SPIE Medical imaging* **7625**, 76250B (2010).
- [19] Lewis, J. and Jiang, S., “A theoretical model for respiratory motion artifacts in free-breathing CT scans,” *Physics in medicine and biology* **54**, 745–775 (2009).



## BIBLIOGRAPHIE

- Beauchamps, A., J. Dansereau, et H. Labelle. 1992. « Effect of radiographic landmark identification errors on the accuracy of three-dimensional reconstruction of the human spine ». *Medical and biological engineering and computing*, 30(6) :569–575.
- Aouadi, S. et L. Sarry. 2008. « Accurate and precise 2D–3D registration based on X-ray intensity ». *Computer vision and image understanding*, 110(1) :134–151.
- Arun, K., T.S. Huang, et S.D. Blostein. 1987. « Least-squares fitting of two 3D point sets ». *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 9(5) :698–700.
- Astola, J. et I. Virtanen. 1982. « Entropy correlation coefficient, a measure of statistical dependence for categorized data ». *Proceedings of the University of Vaasa*, 44.
- Aylward, S., J. Jomier, S. Weeks, et E. Bullitt. 2002. « Registration and analysis of vascular images ». *International journal of computer vision*, 55(2) :123–138.
- Bender, F. 2007. *Segmentation, 2D-3D registration and uncertainty propagation for dynamic roadmapping in angiographic interventions*. PhD thesis, Technische Universitat Munchen.
- Besl, P. et N.D. McKay. 1992. « A method for registration of 3D shapes ». *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 14(2) :239–256.
- Birkfellner, W., R. Seemann, M. Figl, J. Hummel, C. Ede, P. Homolka, X. Yang, P. Niederer, et H. Bergmann. 2005. « Wobbled splatting - a fast perspective volume rendering method for simulation of X-ray images from CT ». *Physics in medicine and biology*, 50(9) : 73–84.
- Birkfellner, W., M. Stock, M. Figl, C. Gendrin, J. Hummel, S. Dong, J. Kettenbach, D. Georg, et H. Bergmann. 2009. « Stochastic rank correlation : a robust merit function for 2D–3D registration of image data obtained at different energies ». *Medical physics*, 36(8) : 3420–3428.
- Bokenkamp, R., N.A. Blom, D. De Wolf, K. Francois, J. Ottenkamp, et M.G. Hazekamp. 2005. « Intraoperative stenting of pulmonary arteries ». *Journal of cardio-thoracic surgery*, 27 (4) :544–547.
- Brown, L. G. et T.E. Boulton. 1996. « Registration of planar film radiographs with computed tomography ». *IEEE Proceedings of the workshop on mathematical methods in biomedical image analysis*, pages 42–51.
- Buzug, T., J. Weese, C. Fassnacht, et C. Lorenz. 1997. « Image registration : Convex weighting functions for histogram-based similarity measures ». *Lecture notes in computer science*, 1205 :203–212.

- Carotti, A., R.M. Di Donato, C. Squitieri, P. Guccione, et G. Catena. 1998. « Total repair of pulmonary atresia with ventricular septal defect and major aortopulmonary collaterals : An integrated approach ». *The journal of thoracic and cardiovascular surgery*, 116(6) : 914–923.
- Chan, T. et L.A. Vese. 2001. « Active contours without edges ». *IEEE Transactions on Image Processing*, 10(2) :266–277.
- Chen, S. et J.D. Carroll. 2003. « Kinematic and deformation analysis of 4D coronary arterial trees reconstructed from cine angiograms ». *IEEE Transactions on medical imaging*, 22(6) :710–721.
- Chen, X., M.R. Varley, L. Shark, G.S. Shentall, et M.C. Kirby. 2006. « An Extension of Iterative closest point algorithm for 3D-2D registration for pre-treatment validation in radiotherapy ». *Proceedings of the international conference on medical information visualisation*, pages 3 – 8.
- Collignon, A., F. Maes, D. Delaere, D. Vandermeulen, P. Suetens, et G. al. 1995. « Automated multi-modality image registration based on information theory ». *Computational imaging and vision*, 3 :263–274.
- Cosman, E. 2000. Rigid registration of mr and biplanar fluoroscopy. Master's thesis, Massachusetts Institute of technology.
- Croti, U., M.L. Barbero Marcial, C. Tanamati, M.B. Jatene, et S.A. de Oliveira. 2003. « The pulmonary vascular blood supply in the pulmonary atresia with ventricular septal defect and its implications in surgical treatment ». *Revista brasileira de cirurgia cardiovascular*, 18(1) :23–31.
- Dagum, P., G.R. Green, F.J. Nistal, G.T. Daughters, T.A. Timek, L.E. Foppiano, A.F. Bolger, N.B. Ingels, et D.C. Miller. 1999. « Deformational dynamics of the aortic root : modes and physiologic determinants ». *Circulation*, 100(2) :54–62.
- DeRuiter, M., A.C. Gittenberger de Groot, R.E. Poelmann, L. VanIperen, et M.M. Mentink. 1993. « Development of the pharyngeal arch system related to the pulmonary and bronchial vessels in the avian embryo. With a concept on systemic- pulmonary collateral artery formation ». *Circulation*, 87(4) :1306–1319.
- Dey, J. et S. Napel. 2006. « Targeted 2D-3D registration using ray normalization and a hybrid optimizer ». *Medical physics*, 33(12) :4730–4738.
- Eggert, D., A. Lorusso, et R.B. Fisher. 1997. « Estimating 3D rigid body transformations : a comparison of four major algorithms ». *Machine vision and applications*, 9(5) :272–290.
- Evans, W. 2008. « Tetralogy of Fallot' and Etienne-Louis Arthur Fallot ». *Pediatric cardiology*, 29(3) :637–640.



- Fischler, M. et R.C. Bolles. 1981. « Random sample consensus : a paradigm for model fitting with applications to image analysis and automated cartography ». *Association for computing machinery*, 24(6) :381–395.
- Fletcher, R. 1970. « A new approach to variable metric algorithms ». *The computer journal*, 13(3) :317–322.
- Florin, C., J. Williams, A. Khamene, et N. Paragios. 2005. « Registration of 3D angiographic and X-ray images using sequential monte carlo sampling ». *Computer vision for biomedical image applications*, 3765 :427–436.
- Gao, F. et T. Matsuzawa. 2006. « FSI within aortic arch model over cardiac cycle and influence of wall stiffness on wall stress in layered wall ». *Engineering letters*, 13(2) :167–172.
- Gendrin, C., C. Weber, M. Figl, D. Georg, H. Bergmann, et W. Birkfellner. 2009. « Implementation of real-time 2D-3D image registration in radiation oncology ». *World congress on medical physics and biomedical engineering*, 25(6) :51–54.
- Grabner, M., T. Pock, T. Gross, et B. Kainz. 2008. « Automatic differentiation for GPU-accelerated 2D-3D registration ». *Advances in automatic differentiation*, 64 :259–269.
- Griselli, M., S.P. McGuirk, D.S. Winlaw, O. Stumper, J.V. de Giovanni, P. Miller, R. Dhillon, J.G. Wright, D.J. Barron, et W.J. Brawn. 2004. « The influence of pulmonary artery morphology on the results of operations for major aortopulmonary collateral arteries and complex congenital heart defects ». *The Journal of thoracic and cardiovascular surgery*, 127(1) :251–258.
- Groher, M. 2008. *2D-3D registration of vascular images towards 3D-guided catheter interventions*. Dissertation, Technische Universität München.
- Groher, M., N. Padoy, T.F. Jakobs, et N. Navab. 2006. « New CTA protocol and 2D-3D registration method for liver catheterization ». *Medical image computing and computer-assisted intervention*, 4190 :873–881.
- Groher, M., F. Bender, R.T. Hoffmann, et N. Navab. 2007. « Segmentation-driven 2D-3D registration for abdominal catheter interventions ». *Medical image computing and computer-assisted intervention*, 4792 :527–535.
- Groher, M., D. Zikic, et N. Navab. 2009. « Deformable 2D-3D registration of vascular structures in a one view scenario ». *IEEE Transactions on medical imaging*, 28(6) :847–860.
- Hajnal, J., D.J. Hawkes, et D.L.G. Hill, 2001. *Medical image registration*. CRC press.
- Haworth, S. et F.J. Macartney. 1980. « Growth and development of pulmonary circulation in pulmonary atresia with ventricular septal defect and major aorto pulmonary colateral arteries ». *The british heart journal*, 44(1) :14–24.

- Hill, D., P.G. Batchelor, M. Holden, et D.J. Hawkes. 2001. « Medical image registration ». *Physics in medicine and biology*, 46(3) :1–45.
- Hipwell, J., G.P. Penney, R.A. McLaughlin, K. Rhode, P. Summers, T.C. Cox, J.V. Byrne, J.A. Noble, et D.J. Hawkes. 2003. « Intensity-based 2D-3D registration of cerebral angiograms ». *IEEE Transactions on medical imaging*, 22(11) :1417–1426.
- Hissoiny, S., B. Ozell, et P. Despres. 2009. « Fast convolution-superposition dose calculation on graphics hardware ». *Medical physics*, 36(6) :1998–2005.
- Hooke, R. et T.A. Jeeves. 1961. « "Direct Search" : Solution of numerical and statistical problems ». *Journal of the ACM*, 8(2) :212–229.
- Hurvitz, A. et J. Leo. 2008. « Registration of a CT-like atlas to fluoroscopic X-ray images using intensity correspondences ». *International journal of computer assisted radiology and surgery*, 3(6) :493–504.
- Imura, M., K. Yamazaki, H. Shirato, R. Onimaru, M. Fujino, S. Shimizu, T. Harada, S. Ogura, H.i Dosaka-Akita, K. Miyasaka, et M. Nishimura. 2005. « Insertion and fixation of fiducial markers for setup and tracking of lung tumors in radiotherapy ». *International journal of radiation oncology, biology, physics*, 63(5) :1442–1447.
- Iyer, K. et R.B.B. Mee. 1991. « Staged repair of pulmonary atresia with ventricular septal defect and major systemic to pulmonary artery collaterals ». *The Annals of thoracic surgery*, 51(1) :65–72.
- Jacobs, F., E. Sundermann, B. De Sutter, M. Christiaens, et I. Lemahieu. 1998. « A fast algorithm to calculate the exact radiological path through a pixel or voxel space ». *Journal of computing and information technology*, 6(1) :89–94.
- Jomier, J., E. Bullitt, M. Van Horn, C. Pathak, et S.R. Aylward. 2006. « 3D-2D model to image registration applied to TIPS surgery ». *Medical image computing and computer-assisted intervention*, 9(2) :662–669.
- Kaguelidou, F. 2006. *Pronostique de la tétralogie de fallot foetale*. PhD thesis, Faculté de médecine René Descartes, Paris 5.
- Khamene, A., P. Bloch, W. Wein, M. Svatos, et F. Sauer. 2006. « Automatic registration of portal images and volumetric CT for patient positioning in radiation therapy ». *Medical image analysis*, 10(1) :96–112.
- Kita, Y., D.L. Wilson, et J.A. Noble. 1998. « Real-time registration of 3D cerebral vessels to X-ray angiograms ». *Medical image computing and computer-assisted intervention*, 1496 :1125–1133.
- Kurosawa, H. 2009. « Reprint of staged repair of tetralogy of fallot with pulmonary atresia and major aortopulmonary collateral arteries ». *Progress in pediatric cardiology*, 26(2) : 71–95.

- Lacroute, P. et M. Levoy. 1994. « Fast volume rendering using a shear-warp factorization of the viewing transformation ». *Proceedings of the SIGGRAPH*, pages 451–458.
- Lemieux, L., D.R. Fish, R. Jagoe, N.D. Kitchen, et D.G.T. Thomas. 1994. « A patient to computed tomography image registration method based on digitally reconstructed radiographs ». *Medical physics*, 21(11) :1749–1760.
- Lewis, J. et S.B. Jiang. 2009. « A theoretical model for respiratory motion artifacts in free-breathing CT scans ». *Physics in medicine and biology*, 54(3) :745–775.
- Lewis, R. et V. Torczon. 1999. « Pattern search algorithms for bound constrained minimization ». *SIAM Journal on optimization*, 9(4) :1082–1099.
- Li, C., C.Y. Kao, J.C. Gore, et Z. Ding. 2008. « Minimization of region-scalable fitting energy for Image segmentation ». *IEEE Transactions on image processing*, 17(10) :1940–1949.
- Li, X., J. Yang, et Y. Zhu. 2006. « Digitally reconstructed radiograph generation by an adaptive Monte Carlo method ». *Physics in medicine and biology*, 51(11) :2745–2752.
- Liao, R., L. Duong, S. Yiyong, et K. Kirchberg. 2010. « 3D reconstruction of the coronary artery tree from multiple views of a rotational X-ray angiography ». *The international journal of cardiovascular imaging*, 26(7) :733–749.
- Livyatan, H., Z. Yaniv, et L. Joskowicz. 2003. « Gradient-based 2D-3D rigid registration of fluoroscopic X-ray to CT ». *IEEE Transactions on medical imaging*, 22(11) :1395–1406.
- Lofland, G. 2004. « Pulmonary atresia, ventricular septal defect and multiple aorta pulmonary collateral arteries ». *Pediatric cardiac surgery annual of the seminars in thoracic and cardiovascular surgery*, 7(1) :85–94.
- Lujan, A., E.W. Larsen, J.M. Balter, et R.K. Ten Haken. February 1999. « A method for incorporating organ motion due to breathing into 3D dose calculations ». *Medical physics*, 26(5) :715–720.
- Lv, S., C. Meng, F. Zhou, B. Liu, et X. Zhou. 2009. « Visual model based C-Arm system calibration and image correction ». *International Conference on biomedical engineering and informatics*, pages 1–5.
- Maeda, E., M. Akahane, N. Kato, N. Hayashi, H. Koga, H. Yamada, H. Kato, et K. Ohtomo. 2006. « Assessment of major aortopulmonary collateral arteries with multidetector-row computed tomography ». *Radiation medicine*, 24(5) :378–383.
- Mahle, W., J. Crisalli, K. Coleman, R.M. Campbell, V.K.H. Tam, R.N. Vincent, et K.R. Kanter. 2003. « Deletion of chromosome 22q11.2 and outcome in patients with pulmonary atresia and ventricular septal defect ». *The annals of thoracic surgery*, 76(2) :567–571.
- Maintz, J. et M.A. Viergever. 1996. « An overview of medical image registration methods ». *Nature*, 12(6) :1–22.

- Maintz, J. et M.A. Viergever. 1998. « A survey of medical image registration ». *Medical image analysis*, 2(1) :1–36.
- Markelj, P., D. Tomazevic, B. Likar, et F. Pernus. 2010. « A review of 3D-2D registration methods for image-guided interventions ». *Medical image analysis*.
- Marquardt, D. 1963. « An algorithm for least-squares estimation of nonlinear parameters ». *SIAM Journal on applied mathematics*, 11(2) :431–441.
- McLaughlin, R., J. Hipwell, D. J. Hawkes, J.A. Noble, J.V. Byrne, et T.C. Cox. 2005. « A comparison of a similarity-based and a feature-based 2D-3D registration method for neurointerventional use ». *IEEE Transactions on medical imaging*, 24(8) :1058–1066.
- Metras, D., P. Chetaille, B. Kreitmann, A. Fraisse, O. Ghez, et A. Riberi. 2001. « Pulmonary atresia with ventricular septal defect, extremely hypoplastic pulmonary arteries, major aorto-pulmonary collaterals ». *European journal of cardio-thoracic surgery*, 20(3) :590–596.
- Metz, C. 2005. Digitally reconstructed radiographs. Master's thesis, Utrecht University.
- Mitschke, M. et N. Navab. 2000. « Recovering projection geometry : how a cheap camera can outperform an expensive stereo system ». *IEEE Conference on computer vision and pattern recognition*, 1 :193–200.
- Mori, S., M. Kobayashi, M. Kumagai, et S. Minohara. 2008. « Development of a GPU-based multithreaded software application to calculate digitally reconstructed radiographs for radiotherapy ». *Radiological physics and technology*, 2(1) :40–45.
- Nelder, J. et R. Mead. 1965. « A simplex method for function minimization ». *The computer-journal*, 7(4) :308–313.
- Papalazarou, C., P.M. J. Rongen, et P.H.N. de With. 2009. « Feature-based depth estimation for monoplane X-ray imaging with limited C-Arm motion ». *Medical image computing and computer-assisted intervention*, pages 1–8.
- Penney, G., J. Weese, J.A. Little, P. Desmedt, D.L.G. Hill, et D.J. Hawkes. 1998. « A comparison of similarity measures for use in 2D-3D medical image registration ». *IEEE Conference on medical imaging*, 17(4) :586–595.
- Pluim, J., J.B.A. Maintz, et M.A. Viergever. 2003. « Mutual-information-based registration of medical images : a survey ». *IEEE Transactions on medical imaging*, 22(8) :986–1004.
- Powell, M. 1964. « An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives ». *The computer journal*, 7(2) :155–162.
- Rivest-Hénault, D., L. Duong, M. Cheriet, C. Lapierre, et S. Deschênes. 2010. « Semi-automatic segmentation of major aorto-pulmonary collateral arteries (MAPCAs) for image guided procedures ». *Proceeding of SPIE medical imaging*, 7625.

- Roth, M., C. Brack, R. Burgkart, A. Czopf, H. Gotte, et A. Schweikard. 1999. « Multi-view contourless registration of bone structures using a single calibrated X-ray fluoroscope ». *Computer assisted radiology and surgery*, 1191.
- Roth, M., M. Dotter, R. Burgkart, et A. Schweikard. 2004. « Fast intensity-based fluoroscopy-to-CT registration using pattern search optimization ». *Computer assisted radiology and surgery*, 1268 :165–170.
- Ruijters, D., B.M. ter Haar-Romeny, et P. Suetens. 2008. « GPU-accelerated digitally reconstructed radiographs ». *International conference on biomedical engineering*, pages 431–435.
- Ruijters, D., B.M. ter Haar-Romeny, et P. Suetens. 2009. « Vesselness based 2D-3D registration of the coronary arteries ». *International journal of computer assisted radiology and surgery*, 4(4) :391–397.
- Russakoff, D., T. Rohlfing, A. Ho, D.H. Kim, R. Shahidi, J.R. Adler, et C.R. Maurer. 2003a. « Evaluation of intensity-based 2D-3D spine image registration using clinical gold-standard data ». *Lecture notes in computer science*, 2717 :151–160.
- Russakoff, D., T. Rohlfing, R. Shahidi, D. H. Kim, J.R. Adler, et C.R. Maurer. 2003b. « Intensity-based 2D-3D spine image registration incorporating one fiducial marker ». *Medical image computing and computer-assisted intervention*, 2878 :287–294.
- Salvi, J., X. Armangue, et J. Batlle. 2002. « A comparative review of camera calibrating methods with accuracy evaluation ». *Pattern recognition*, 35(7) :1617–1635.
- Schonemann, P. 1966. « A generalized solution of the orthogonal procrustes problem ». *Psychometrika*, 31 :1–10.
- Schulze-Neick, I., S.Y. Ho, A. Bush, M. Rosenthal, R.C. Franklin, A.N. Redington, et D.J. Penny. 2000. « Severe airflow limitation after the unifocalization procedure : Clinical and morphological correlates ». *Circulation*, 19(3) :142–1747.
- Shannon, C. 1948. « A mathematical theory of communication ». *The Bell system technical journal*, 27 :379–423.
- Shechter, G., J.R. Resar, et E.R. McVeigh. 2006. « Displacement and velocity of the coronary arteries : cardiac and respiratory motion ». *IEEE Transactions on medical imaging*, 25 (3) :369–375.
- Siddon, R. 1985. « Fast calculation of the exact radiological path for a three dimensional CT array ». *Physics in medicine and biology*, 12(2) :252–255.
- Studholme, C., D. L.G. Hill, et D. J. Hawkes. 1996. « Automated three-dimensional registration of magnetic resonance and positron emission tomography brain images by multiresolution optimization of voxel similarity measures ». *Medical physics*, 24(1) :25–35.

- Studholme, C., D.L.G. Hill, et D.J. Hawkes. 1999. « An overlap invariant entropy measure of 3D medical image alignment ». *Pattern recognition*, 32(1) :71–86.
- Tchervenkov, C. et N. Roy. 2000. « Congenital heart surgery nomenclature and database project : pulmonary atresia - ventricular septal defect ». *The annals of thoracic surgery*, 69(3) :97–105.
- Tegnander, E., W. Williams, O.J. Johansen, H.G.K Blaas, et S.H. Heik-Nes. 2006. « Prenatal detection of heart defects in a non-selected population of 30.149 fetuses - detection rates and outcome ». *The official journal of the international society of ultrasound in obstetrics and gynecology*, 27(3) :252–65.
- Thevenaz, P. et M. Unser. 2000. « Optimization of mutual information for multiresolution image registration ». *IEEE Transactions on image processing*, 9(12) :2083–2099.
- Tomazevic, D., B. Likar, et F. Pernus. 2007. « 3D-2D image registration : the impact of X-ray views and their number ». *Medical image computing and computer-assisted intervention*, 10(1) :450–457.
- Turgeon, G., G. Lehmann, G. Guiraudon, M. Drangova, D. Holdsworth, et T.Petersa. 2005. « 2D-3D registration of coronary angiograms for cardiac procedure planning and guidance ». *Medical physics*, 32(12) :3737–3749.
- van der Bom, I., S. Klein, M. Staring, R. Homan, L.W. Bartels, et J.P.W. Pluim. 2001. « Evaluation of optimization methods for intensity-based 2D-3D registration in X-ray guided interventions ». *Proceeding of SPIE medical imaging*, 7962 :1–15.
- Viola, P. et W.M. Wells. 1995. « Alignment by maximization of mutual information ». *International journal of computer vision*, 24(2) :137–154.
- Weese, J., G.P. Penney, P. Desmedt, T.M. Buzug, D.L.G. Hill, et D.J. Hawkes. 1997. « Voxel-based 2D-3D registration of fluoroscopy images and CT scans for image-guided surgery ». *IEEE Transactions on information technology in biomedicine*, 1(4) :284–293.
- Wein, W. 2003. Intensity based rigid 2d-3d registration algorithms for radiation therapy. Master's thesis, Technische Universität München.
- Wein, W., B. Roper, et N. Navab. February 2005. « 2D-3D registration based on volume gradients ». *Proceeding of SPIE medical imaging*, 5747 :144–150.
- Wells, W., P. Viola, H. Atsumi, S. Nakajima, et R. Kikinis. February 1996. « Multimodal volume registration by maximization of mutual information ». *Medical image analysis*, 1(1) :35–51.
- Westover, L. 1990. « Footprint evaluation for volume rendering ». *SIGGRAPH Computer graphics*, 24(4) :367–376.

- Wunsch, P. et G. Hirzinger. 1996. « Registration of CAD-models to Images by iterative inverse perspective matching ». *Pattern recognition*, 1 :78 – 83.
- Zhao, H. et A.J. Reader. 2003. « Fast ray-tracing technique to calculate line integral paths in voxel arrays ». *IEEE Nuclear science symposium conference record*, 4 :2808–2812.
- Zollei, L. 2001. 2D-3D rigid body registration of X-ray fluoroscopy and CT images. Master's thesis, Massachusetts Institute of Technology.
- Zollei, L., E Grimson, A Norbash, et W Wells. 2001. « 2D-3D Rigid Registration of X-ray fluoroscopy and CT images using mutual information and sparsely sampled histogram estimators ». *IEEE Conference on computer vision and pattern recognition*, 2 :696–703.